

Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/EP05/003888

International filing date: 13 April 2005 (13.04.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: EP
Number: 04008881.7
Filing date: 14 April 2004 (14.04.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 29 April 2005 (29.04.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse



**Europäisches
Patentamt**

**European
Patent Office**

**Office européen
des brevets**

Bescheinigung

Certificate

Attestation

Die angehefteten Unterlagen stimmen mit der ursprünglich eingereichten Fassung der auf dem nächsten Blatt bezeichneten europäischen Patentanmeldung überein.

The attached documents are exact copies of the European patent application described on the following page, as originally filed.

Les documents fixés à cette attestation sont conformes à la version initialement déposée de la demande de brevet européen spécifiée à la page suivante.

Patentanmeldung Nr. Patent application No. Demande de brevet n°

04008881.7

Der Präsident des Europäischen Patentamts;
Im Auftrag

For the President of the European Patent Office

Le Président de l'Office européen des brevets
p.o.

R C van Dijk



Anmeldung Nr:
Application no.: 04008881.7
Demande no:

Anmeldetag:
Date of filing: 14.04.04
Date de dépôt:

Anmelder/Applicant(s)/Demandeur(s):

F. HOFFMANN-LA ROCHE AG
124 Grenzacherstrasse
4070 Basel
SUISSE

Bezeichnung der Erfindung/Title of the invention/Titre de l'invention:
(Falls die Bezeichnung der Erfindung nicht angegeben ist, siehe Beschreibung.
If no title is shown please refer to the description.
Si aucun titre n'est indiqué se referer à la description.)

Expressionssystem zur Herstellung von IL-15/Fc-Fusionsproteinen und ihre
Verwendung

In Anspruch genommene Priorität(en) / Priority(ies) claimed /Priorité(s)
revendiquée(s)
Staat/Tag/Aktenzeichen/State/Date/File no./Pays/Date/Numéro de dépôt:

Internationale Patentklassifikation/International Patent Classification/
Classification internationale des brevets:

G12N15/00

Am Anmeldetag benannte Vertragstaaten/Contracting states designated at date of
filing/Etats contractants désignées lors du dépôt:

AT BE BG CH CY CZ DE DK EE ES FI FR GB GR HU IE IT LU MC NL
PL PT RO SE SI SK TR LI

14. April 2004

- 1 -

F. Hoffmann-La Roche AG

14. April 2004
C62387EP BÖ/ATE/hmü**Expressionssystem zur Herstellung von IL-15/Fc-Fusionsproteinen und ihre Verwendung**

5 Die Erfindung betrifft ein Expressionssystem, das mindestens eine Nukleinsäure für ein Interleukin-15/Fc- (IL-15/Fc) -Fusionsprotein umfasst und mit dessen Hilfe das IL-15/Fc-Fusionsprotein hergestellt werden kann. Weiterhin betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Herstellung eines IL-15/Fc-Fusionsproteins unter Verwendung des Expressionssystems sowie die Verwendung des Expressionssystems, der Nukleinsäure, der Wirtszelle oder des CD5-
10 Leaders zur Expression von Proteinen in Wirtszellen.

In Säugetieren beruht das Immungeschehen auf einer Vielzahl komplexer zellulärer und azellulärer Interaktionen, die im Sinne eines Immun-Netzwerks funktionieren. Viele Mechanismen innerhalb dieses komplexen Netzwerks sind erst in jüngerer Zeit in ihrer
15 Funktion aufgeklärt worden. Eine Schlüsselrolle als lösliche Botenstoffe innerhalb des Immun-Netzwerks spielen Cytokine, zu denen der 1994 beschriebene Faktor Interleukin-15 (Grabstein *et al.*, 1994, Science 264: 965-968) gehört. Interleukin-15 (IL-15) beeinflusst als Immunmodulator, Wachstumsfaktor, Chemokin und Überlebensfaktor die Proliferation, Differenzierung, Aktivierung und das Überleben von Zellen des Immunsystems wie T-Zellen,
20 Monocyten/Macrophagen, NK-Zellen und weiteren IL-15-sensitiven Zellen des Gewebes, wie Keratinocyten und anderen. Neben seiner Funktion als Immunmodulator spielt IL-15 auch eine Rolle bei der Regulation des Metabolismus von Muskel- und Fettgewebe.

Typischerweise bindet IL-15 an seine Effektorzellen über den heterotrimeren Interleukin-15-Rezeptor (IL-15R). Der IL-15R besteht aus einer spezifisch an IL-15 bindenden α -Untereinheit,
25 einer ebenfalls durch IL-2 erkannten β -Untereinheit und einer γ -Untereinheit, die ebenfalls von weiteren Mitgliedern der Interleukin-Familie wie IL-2, IL-4, IL-7, IL-9 und IL-15 erkannt wird.

IL-15 spielt eine Rolle bei einer Vielzahl von Autoimmunerkrankungen und chronisch
30 entzündlichen Erkrankungen, wie z.B. Rheumatischer Arthritis, Psoriasis, Multipler Sklerose,

Morbus Crohn, Colitis ulcerosa, Enterocolitis, pulmonärer Sarkoidose oder systemischem Lupus Erythematodes, sowie bei der immunologischen Abstoßung transplanterter Organe, Gewebe und Zellen. Ebenso spielt IL-15 eine Rolle bei lymphoiden Leukämien.

5 Ein therapeutischer Einsatz von Interleukin-15 erfolgt entweder nach agonistischem Prinzip zur Expansion von Lymphocytenpopulationen bei Krebspatienten und bei Immundefizienz-Erkrankungen oder bei Erkrankungen mit einer pathologischen Aktivierung des Immunsystems nach antagonistischem Prinzip durch Einsatz von Agenzien, die die Wirkung von IL-15 blockieren. Dabei kann es sich um lösliche IL-15-Rezeptor-Polypeptide, gegen IL-15 oder den
10 IL-15-Rezeptor gerichtete Antikörper oder um Fusionsproteine mit einem IL-15-Anteil wie z.B. ein Fusionsprotein, das eine IL-15-Komponente und eine Immunglobulin-Komponente enthält, handeln (Übersicht in Fehninger und Caligiuri, 2001, Blood 97(1): 14-32). Die Interleukin-Immunglobulin-Fusionsproteine haben sich hierbei als vorteilhaft erwiesen.

15 Rekombinante Fusionsproteine aus Interleukinen und Immunglobulinen können in prokaryotischen Expressionssystemen hergestellt werden. Ein wesentlicher Nachteil dieser Expressionssysteme ist die fehlende Glykosilierung der prokaryotisch hergestellten Proteine, die zu einer Beeinträchtigung der Funktionalität und Stabilität des exprimierten Produkts führen kann und damit die medizinische Verwendbarkeit der Expressionsprodukte einschränkt. Die Herstellung
20 rekombinanter Fusionsproteine aus Interleukinen und Immunglobulinen in alternativen Expressionssystemen, wie z.B. Säugerzellen, die in der Regel eine korrekte Glykosilierung gewährleisten, ist hingegen mit dem Problem einer vergleichsweise geringen Expressionseffizienz behaftet (Zheng *et al.*, 1999, J. Immunol. 163: 4041-4048). Daher besteht ein Bedarf, ein Expressionssystem für Eukaryonten bereitzustellen, mit dem eine Herstellung großer Mengen
25 rekombinanter IL-15/Fc-Fusionsproteine in ausreichender Reinheit möglich ist.

Eine Aufgabe der vorliegenden Erfindung war es somit, ein derartiges, verbessertes Expressionssystem bereitzustellen.

30 Die Aufgabe wurde gelöst durch die Bereitstellung eines Expressionssystems zur Herstellung eines IL-15/Fc-Fusionsproteins, enthaltend eine oder mehrere Nukleinsäure(n) umfassend

- a) mindestens eine Nukleinsäure für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein,
- b) mindestens einen Promotor und
- c) mindestens eine Nukleinsäure für einen CD5-Leader,

5 wobei der Promotor und die Nukleinsäure für den CD5-Leader funktionsfähig mit der Nukleinsäure für das IL-15/Fc-Fusionsprotein verknüpft sind.

10 Mit Hilfe des erfindungsgemäßen Expressionssystems ist es möglich, IL-15/Fc-Fusionsproteine z.B. in Eukaryonten mittels rekombinanter DNA-Technologie in größerem Maßstab herzustellen. Damit ermöglicht die vorliegende Erfindung eine Herstellung von IL-15/Fc-Fusionsproteinen für kommerzielle Zwecke.

15 Unter rekombinanter DNA-Technologie werden im Allgemeinen Technologien zur Übertragung genetischer Informationen z.B. auf Vektoren verstanden. Diese Vektoren ermöglichen eine Weiterverarbeitung der genetischen Information, zum Beispiel durch Einbringung in einen Wirt, was sowohl die Vervielfältigung als auch die Expression der genetischen Information in einer neuen Umgebung ermöglicht. Im Allgemeinen liegt die genetische Information in Form von Nukleinsäuren vor, zum Beispiel in Form von genomischer DNA oder von cDNA, die die
20 Information für ein oder mehrere gewünschte Genprodukte in kodierter Form enthält. Als Vektoren können beispielsweise Plasmide fungieren, in die Nukleinsäuren wie beispielsweise cDNA integriert werden können, um sie zu vervielfältigen und, gegebenenfalls unter Kontrolle transkriptionsregulatorischer Elemente wie z. B. Promotoren, Enhancern oder Silencern, zur Expression in einer Wirtszelle zu bringen. Plasmide können weitere Elemente enthalten, die
25 sowohl die Synthese des gewünschten Expressionsprodukts als auch seine Stabilität und Lokalisierung in der Wirtszelle beeinflussen oder eine Selektionierung des verwendeten Plasmids bzw. Expressionsprodukts ermöglichen.

30 Als Expressionssystem im Sinne der vorliegenden Erfindung wird eine oder mehrere Nukleinsäure(n) - ggf. in Kombination mit weiteren Elementen, die zur Transkription erforderlich sein können, wie z.B. Ribosomen, Aminosäuren und/oder t-RNAs - bezeichnet,

wobei das Expressionssystem die Expression des IL-15/Fc-Fusionsproteins unter geeigneten Bedingungen z.B. in einer geeigneten Wirtszelle bewirken kann.

Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform besteht das Expressionssystem aus der/den
5 genannten einen oder mehreren Nukleinsäuren.

Um die Expression in Wirtszellen zu ermöglichen, kann/können die Nukleinsäure(n) des Expressionssystems auch ein Bestandteil von einem oder mehreren Vektor(en) sein, welche(r) nach dem Fachmann bekannten Methoden der rekombinanten DNA-Technologie hergestellt
10 werden kann/können (Sambrook *et al.* (Hersg.), 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Course Manual. Cold Spring Harbor Press, New York). Dem Fachmann ist eine Vielzahl von Vektoren bekannt, welche im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung eingesetzt werden können. Für die Expression in eukaryotischen Zellen sind beispielsweise die Hefe-Vektoren pYES (Expression in *S. cerevisiae*; Invitrogen) und pICZ (Expression in *P. pastoris*; Invitrogen)
15 geeignet. Verwendbar sind auch Baculovirus-Vektoren wie pBacPAK9 (Expression in Insektenzellen; Clontech), sowie eine Reihe von Vektoren, die zur heterologen Expression in Säugerzellen eingesetzt werden, wie Rc/CMV, Rc/RSV, pcDNA und weitere SV40-abgeleitete Vektoren, in die neben den zu exprimierenden Nukleinsäuresequenzen geeignete transkriptionsregulatorische Elemente eingefügt werden können.

20 Geeignete Vektoren enthalten bevorzugt neben einem Replikationsursprung, der die Plasmidreplikation im gewählten Wirt vermittelt, im Allgemeinen selektionierbare Markergene, sowie Erkennungsstellen für Restriktionsendonukleasen, die die Insertion von Nukleinsäurefragmenten ermöglichen. Die für das IL-15/Fc-Fusionsprotein kodierende
25 Nukleinsäure kann über geeignete Erkennungsstellen für Restriktionsendonukleasen in den Vektor eingebracht werden.

Virale Vektorsysteme, die ebenfalls für das erfindungsgemäßen Expressionssystem geeignet sind, umfassen beispielsweise retrovirale, adenovirale, adeno-assoziierte virale Vektoren, sowie
30 Herpesvirus- oder Papillomvirus-Vektoren.

Bei der für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein kodierenden Nukleinsäure handelt es sich vorzugsweise um eine DNA oder RNA, besonders bevorzugt um eine genomische DNA, eine cDNA oder Kombinationen davon.

5 Eine Nukleinsäure für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein kodiert für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein. Ein IL-15/Fc-Fusionsprotein gemäß der vorliegenden Erfindung ist ein Fusionsprotein, das zwei Fusionsanteile enthält, nämlich eine IL-15-Komponente und eine Fc-Komponente. Rekombinante Proteine, die neben einem funktionellen Protein einen Fusionsanteil eines Immunglobulins enthalten, sind beispielsweise in Capon *et al.* (US 5,428,130) beschrieben.

10 Bevorzugt handelt es sich um ein Fusionsprotein, das aus einem N-terminalen mutierten oder nicht-mutierten IL-15-Teil und einem C-terminalen Fc-Teil besteht. Solche Proteine sind z.B. in WO 97/41232 und Kim *et al.* (1998, J. Immunol. 160:5742-5748) offenbart.

15 Der IL-15-Teil des Fusionsproteins vermittelt eine selektive Bindung an den IL-15-Rezeptor (IL-15R), der z.B. auf aktivierten T-Zellen exprimiert ist. Der IL-15-Teil kann daher sowohl ein natürlich vorkommendes IL-15 als auch eine Mutante hiervon sein.

20 In einer stärker bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei der IL-15-Komponente um das Wildtyp-IL-15. Hierbei kann es sich bei dem IL-15 um ein IL-15 einer jeden Spezies, wie z.B. der Maus, der Ratte, des Meerschweinchens, des Kaninchens, der Kuh, der Ziege, des Schafes, des Pferdes, des Schweins, des Hundes, der Katze oder des Affen, vorzugsweise des Menschen handeln. Eingeschlossen sind auch unterschiedliche Spleißvarianten sowie natürlich auftretende Varianten. Besonders bevorzugt sind hierbei Nukleinsäuren aus Säugetieren, insbesondere die humane oder die murine Form der Nukleinsäuren.

25 Mutanten des IL-15 schließen IL-15-Komponenten ein, die gegenüber dem natürlich vorkommenden IL-15 eine Mutation aufweisen wie z.B. eine oder mehrere Deletionen, Insertionen oder Substitutionen oder Kombinationen hiervon. Allerdings muss die verwendete
30 IL-15-Variante das IL-15/Fc-Fusionsprotein zur Bindung an den IL-15R befähigen. Dies könnte beispielsweise in einem Radioligandbindungstest unter Verwendung von markiertem

IL-15 und Membranen oder Zellen, die IL-15-Rezeptoren aufweisen, überprüft werden (Carson WE et al., 1994, J Exp Med., 180(4): 1395-1403).

In einer bevorzugten Ausführungsform könnte es sich bei der Mutante eine solche Mutante handeln, die eine Wirkung wie IL-15 aufweist (agonistisch wirkende IL-15-Komponente), wobei deren Aktivität im Vergleich zu IL-15 gleich hoch, erniedrigt oder sogar erhöht sein kann. Als Testsystem für IL-15/Fc-Fusionsproteine, die eine agonistisch wirkende IL-15-Komponente besitzen, kann die Stimulation der Proliferation muriner CTLL-2-Zellen durch die IL-15-Komponente verwendet werden.

Eine agonistisch wirkende IL-15-Komponente im Sinne der vorliegenden Erfindung liegt vor, wenn die Komponente mindestens 10 %, vorzugsweise mindestens 25 %, noch weiter bevorzugt um mindestens 50 %, noch stärker bevorzugt 100 %, sogar noch stärker bevorzugt 150 % und am meisten bevorzugt mindestens 200 % Aktivität aufweist. Aktivität einer agonistisch wirkenden IL-15-Komponente meint die prozentuale Stimulation der Antwort durch die IL-15-Komponente im Vergleich zur Stimulation durch Wildtyp-IL-15 (Wildtyp-IL-15 entspricht 100 % Aktivität). In den Tests kann entweder die IL-15-Komponente alleine oder das Fusionsprotein eingesetzt werden.

Für agonistisch wirkende IL-15-Komponenten sind konservative Aminosäureaustausche bevorzugt, wobei ein Rest durch einen anderen mit ähnlichen Eigenschaften ersetzt wird. Typische Substitutionen sind Substitutionen innerhalb der Gruppe der aliphatischen Aminosäuren, innerhalb der Gruppe der Aminosäuren mit aliphatischer Hydroxylseitenkette, innerhalb der Gruppe von Aminosäuren mit sauren Resten, innerhalb der Gruppe der Aminosäuren mit Amidderivaten, innerhalb der Gruppe der Aminosäuren mit basischen Resten oder innerhalb der Aminosäuren mit aromatischen Resten. Typische konservative und halb-konservative Substitutionen sind:

Aminosäure	Konservative Substitution	Halb-konservative Substitution
A	G; S; T	N; V; C
C	A; V; L	M; I; F; G
D	E; N; Q	A; S; T; K; R; H
E	D; Q; N	A; S; T; K; R; H
F	W; Y; L; M; H	I; V; A
G	A	S; N; T; D; E; N; Q
H	Y; F; K; R	L; M; A
I	V; L; M; A	F; Y; W; G
K	R; H	D; E; N; Q; S; T; A
L	M; I; V; A	F; Y; W; H; C
M	L; I; V; A	F; Y; W; C;
N	Q	D; E; S; T; A; G; K; R
P	V; I	L; A; M; W; Y; S; T; C; F
Q	N	D; E; A; S; T; L; M; K; R
R	K; H	N; Q; S; T; D; E; A
S	A; T; G; N	D; E; R; K
T	A; S; G; N; V	D; E; R; K; I
V	A; L; I	M; T; C; N
W	F; Y; H	L; M; I; V; C
Y	F; W; H	L; M; I; V; C

In einer weiteren Ausführungsform der vorliegenden Erfindung werden antagonistisch wirkende IL-15-Komponenten eingesetzt. Solche Komponenten hemmen oder inhibieren die Wirkung von IL-15 oder die Bindung von IL-15 an den IL-15R, wobei die Hemmung oder Inhibition vollständig oder nur partiell sein kann. Als Testsystem für IL-15/Fc-Fusionsproteine, die eine antagonistisch wirkende IL-15-Komponente besitzen, kann das in WO 97/41232 beschriebene Testsystem (BAF-BO3-Zellproliferationstest) verwendet werden. Eine antagonistisch wirkende IL-15-Komponente im Sinne der vorliegenden Erfindung liegt vor, wenn die Komponente mindestens 10 %, vorzugsweise mindestens 25 %, noch weiter bevorzugt mindestens 50 % und am meisten bevorzugt mindestens 95 % der IL-15-mediierten Wirkung oder IL-15-Bindung an den IL-15R hemmt oder inhibiert. In den Tests kann entweder die IL-15-Komponente alleine oder das Fusionsprotein eingesetzt werden.

Für antagonistisch wirkende IL-15-Komponenten sind nicht konservative Aminosäureaustausche bevorzugt, wobei ein Rest durch einen anderen mit anderen Eigenschaften ersetzt wird. Weiter bevorzugt finden diese Austausche in Bereichen des Moleküls statt, die für die Wechselwirkung mit dem IL-15-R oder für die Signalweiterleitung verantwortlich sind.

5 In einer bevorzugten Ausführungsform werden als antagonistisch wirkende IL-15-Komponenten die in WO 97/41232 beschriebenen Mutanten des IL-15 oder eine IL-15-Komponente mit einer Mutation an der Aminosäureposition 56 (Aspartat; AAA21551) verwendet. Höchst bevorzugte Mutanten sind die, bei denen Punktmutationen an den
10 Aminosäurepositionen 149 und/oder 156 des Interleukins-15 von Glutamin zu insbesondere Aspartat eingeführt wurden (siehe WO 97/41232). Die beschriebenen Mutationen können in einer Ausführungsform auch kombiniert werden.

15 In einer Ausführungsform ist der mutierte IL-15-Teil des Fusionsproteins zu mindestens 65 %, vorzugsweise mindestens 70 %, weiter bevorzugt mindestens 85 %, noch weiter bevorzugt mindestens 95 % und am meisten bevorzugt mindestens 99 % identisch mit dem einem Wildtyp-IL-15, vorzugsweise einem humanen Wildtyp-IL-15 (z.B. Datenbank des National Center for Biotechnology Information, Zugangsnummer AAA21551) oder auch anderen natürlich vorkommenden Varianten (z.B. die Varianten mit den Zugangsnummern CAA63914
20 oder CAA71044 der Datenbank des National Center for Biotechnology Information).

Als zweite funktionelle Einheit des IL-15/Fc-Fusionsproteins ist eine Fc-Komponente vorhanden. Unter dem Fc-Teil versteht man das durch Papainspaltung darstellbare, in der Aminosäuresequenz stark konservierte, konstante (c = constant) Fragment der Immunglobuline.
25 Das Fc-Fragment ist das Fragment des Antikörpers, das üblicherweise keine Antigene bindet. Unter einem Fc-Teil gemäß der vorliegenden Erfindung wird vorzugsweise auch ein wie oben definiertes Fragment eines Immunglobulins verstanden, das darüber hinaus neben der Hinge-Region auch die konstanten Domänen CH2 und CH3 umfasst.

Die Fc-Komponente ist aus dem Fc-Teil eines beliebigen Antikörpers, z.B. eines IgA, IgD, IgG, IgE oder IgM, vorzugsweise eines IgM oder eines IgG, mehr bevorzugt aus einem Fc-Teil der Subklassen IgG1, IgG2, IgG3 oder IgG4, abgeleitet.

5 In einer besonderen Ausführungsform der Erfindung handelt es sich bei dem Fc-Teil des Fusionsproteins um ein Fc-Fragment eines Immunglobulins G (IgG), dem die leichten Ketten und die schweren Ketten der IgG-variablen Region fehlen. Beispiele für einsetzbare IgGs sind IgG1, IgG2, IgG2a, IgG2b, IgG3 oder IgG4. Bevorzugt ist humanes oder murines IgG1.

10 Für die vorliegende Erfindung kann der gesamte Fc-Teil des Antikörpers oder nur ein Teil hiervon verwendet werden. Allerdings sollte der Teil des Fc-Teil vorzugsweise so gestaltet sein, dass das IL-15/Fc-Fusionsprotein eine größere Halbwertszeit für die Zirkulation im Blut besitzt als die IL-15-Komponente ohne Immunglobulin-Komponente. Um dies zu testen, kann einem oder mehreren Versuchstieren das Fusionsprotein und die IL-15-Komponente verabreicht z.B.
15 in die Blutbahn injiziert werden und die Halbwertszeiten für die Zirkulation im Blut verglichen werden. Eine größere Halbwertszeit liegt vor, wenn die Halbwertszeit erhöht ist, vorzugsweise mindestens um 10 %, weiter bevorzugt mindestens um 20 %, noch weiter bevorzugt um mindestens 50 % und am meisten bevorzugt um mindestens 100 %.

20 Der Fc-Teil kann auch ein Fc-Teil mit mindestens einer Mutation sein. Das mutierte Fc kann in der Weise mutiert sein, wie dies oben für den IL-15-Teil beschrieben ist.

In einer Ausführungsform ist der mutierte Fc-Teil des Fusionsproteins zu mindestens 65 %, vorzugsweise mindestens 70 %, weiter bevorzugt mindestens 85 %, noch weiter bevorzugt
25 mindestens 95 % und am meisten bevorzugt mindestens 99 % identisch mit dem Fc-Teil eines murinen oder humanen Wildtyp-Immunglobulins, vorzugsweise dem human IgG1-Fc oder auch natürlich vorkommenden Varianten.

In einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung liegt der Fc-Anteil des Fusionsproteins in
30 nativer Form oder mit konservativen Aminosäureaustauschen vor und enthält intakte FcR- und/oder Komplement-Bindungsstellen. Der Fc-Anteil des Fusionsproteins kann sowohl die

Aktivierung des Komplementsystems, als auch die Bindung an Fc-Rezeptor-exprimierende Zellen vermitteln und damit zur Depletion der durch den IL-15-Anteil des Fusionsproteins erkannten Zellen führen. Durch Einführung von Mutationen, insbesondere von nicht-konservativen Aminosäureaustauschen, an den Aminosäurepositionen, die die Komplementaktivierung und die Fc-Rezeptorbindung vermitteln, können diese Funktionen ausgeschaltet werden. Dies sind beispielsweise Mutationen der Bindungsstelle für den Fc-Rezeptor (FcR) bzw. den Komplementbindungsstellen (an den Aminosäurepositionen 214, 356, 358 und/oder 435 im nativen humanen IgG1 oder Leu 235, Glu 318, Lys 320 und/oder Lys 322 im nativen murinen IgG2A). Werden Aminosäuren an diesen Positionen ausgetauscht, kommt es in der Regel zu einem Verlust der lytischen und komplementaktivierenden Funktion des Fc-Anteils (WO 97/41232).

Noch weiter bevorzugt ist eine Ausführungsform, in der die Aminosäure Cystein an Position 4 der Hinge-Region des humanen Fc-Anteils, weiter bevorzugt des humanen IgG1 (Position 167 von humanem IgG1), gegen Alanin ausgetauscht ist, beispielsweise um eine intermolekulare Brückenbildung und damit Aggregation des exprimierten IL-15/Fc-Fusionsproteins zu verhindern.

In einer anderen bevorzugten Ausführungsform handelt es sich um den Fc-Teil des humanen Immunglobulins IgG1 oder des murinen Immunglobulins IgG2A, der neben der Gelenkregion die Regionen CH2 und CH3 der schweren Kette umfasst.

In dem IL-15/Fc-Fusionsprotein ist die IL-15-Komponente an die Immunglobulin-Komponente entweder direkt oder über einen Linker fusioniert. Vorzugweise besteht der Linker aus höchstens 25 Aminosäuren, weiter bevorzugt aus höchstens 15 Aminosäuren, noch weiter bevorzugt aus höchstens 10 Aminosäuren und am meistens bevorzugt aus 1, 2, 3, 4 oder 5 Aminosäuren.

In einer noch anderen bevorzugten Ausführungsform wird eine humane, für ein Interleukin kodierende Nukleinsäure entweder mit einer ebenfalls humanen, für ein Fc kodierende Nukleinsäure oder mit einer für ein Fc kodierenden Nukleinsäure aus anderen Spezies, wie z.B. Maus oder Ratte, kombiniert. Beispielsweise kann eine humane, für IL-15 kodierende

Nukleinsäure mit einer ebenfalls humanen, für IgG1 kodierenden Nukleinsäure, mit einer murinen, für IgG2A kodierenden Nukleinsäure, oder mit einer für IgG2B kodierenden Nukleinsäure aus der Ratte kombiniert werden. Weitere mögliche Kombinationen von Nukleinsäuren sind für den Fachmann ersichtlich.

Die am meisten bevorzugte Nukleinsäure für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein ist die Sequenz der Positionen 979 bis 2014 von SEQ ID NR. 1, die der Positionen 1985 bis 3020 von SEQ ID NR. 2 oder SEQ ID NR. 3 oder eine Nukleinsäure, die für die Polypeptide der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert. Der am meisten bevorzugte Vektor umfassend eine Nukleinsäure für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein ist ein Vektor der SEQ ID NR. 1 oder SEQ ID NR. 2.

Umfasst von dem Begriff „Nukleinsäure für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein“ sind aber auch eine Nukleinsäure, die eine Sequenzidentität von mindestens ca. 60 %, vorzugsweise ca. 75 %, besonders bevorzugt ca. 90 % und insbesondere ca. 95 % zu der in SEQ. ID Nr. 3 angegebenen Nukleotidsequenz oder einer Nukleotidsequenz, die für die Polypeptide der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert, aufweist, wobei die entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsproteine an den IL-15R binden und eine erhöhte Halbwertszeit im Blut gegenüber dem entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsprotein ohne Immunglobulinkomponente aufweisen (Testsysteme siehe oben).

Umfasst von dem Begriff „Vektor umfassend eine Nukleinsäure für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein“ ist auch eine Nukleinsäure, die eine Sequenzidentität von mindestens ca. 60 %, vorzugsweise ca. 75 %, besonders bevorzugt ca. 90 % und insbesondere ca. 95 % zu den in SEQ. ID NR. 1 und SEQ ID NR. 2 angegebenen Nukleotidsequenzen aufweist, wobei die entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsproteine an den IL-15R binden und eine erhöhte Halbwertszeit im Blut gegenüber dem entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsprotein ohne Immunglobulinkomponente aufweisen (Testsysteme siehe oben).

Das Expressionssystem umfasst weiterhin einen Promotor. Der Promotor und seine Funktionen sind dem Fachmann bekannt. Dieser kann aus z.B. Viren, Bakterien oder Eukaryonten abgeleitet sein. Der Promotor kann die Transkription des zu exprimierenden Gens konstitutiv steuern oder induzierbar sein und damit eine gezielte Regulation der Genexpression

ermöglichen. Weiterhin kann der Promotor zell- oder gewebespezifisch sein, d.h. die Expression des Genprodukts auf bestimmte Zelltypen beschränken. Promotoren mit diesen Eigenschaften sind dem Fachmann bekannt. Promotoren, die zur Steuerung der Expression in einer Wirtszelle besonders geeignet sind, sind beispielsweise der ADH2-Promotor für die Expression in Hefe, oder der Polyhedrinpromotor für die Expression in Insektenzellen. Promotoren, die eine starke Expression eines Genprodukts in Säugerzellen vermitteln, sind beispielsweise virale Promotoren viraler Gene, wie der RSV(Rous-Sarcoma-Virus)-Promotor, der SV 40(Simian Virus 40)-Promotor sowie der CMVi/e(Cytomegalovirus Immediate Early Polypeptid)-Promotor. Der CMV-Promotor ist im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung bevorzugt. Auch eingeschlossen sind Mutationen im CMV-Promotor, wobei die mutierte Sequenz bevorzugt zu 95 %, weiter bevorzugt zu 99 %, homolog zum natürlich vorkommenden CMV-Promotor (Kouzarides et al., 1983, Mol Biol. Med. 1(1): 47-58) ist und/oder die Aktivität der Mutante im Vergleich zum Wildtyp-Promotor bevorzugt 90 bis 110 %, weiter bevorzugt 95 bis 105 % beträgt.

Zusätzlich kann der transkriptionsregulatorische Bereich, insbesondere bei Verwendung des CMV-Promotors, ein oder mehrere Introns, vorzugsweise das Intron A (Chapman *et al.*, 1991, Nucleic Acids Res. 19(14): 3979-3986), enthalten. Diese Ausführungsform hat den Vorteil, dass besonders hohe Mengen an IL-15/Fc-Fusionsproteinen erzielt werden können, beispielsweise durch Präsentation geeigneter Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren. Auch eingeschlossen sind Mutationen im Intron A, wobei die mutierte Sequenz bevorzugt zu 80 %, weiter bevorzugt zu 90 % und noch weiter bevorzugt zu 95 %, homolog zu einem natürlich vorkommenden Intron, insbesondere Intron A (Chapman *et al.*, 1991, Nucleic Acids Res. 19(14): 3979-3986), ist und/oder die Aktivität der Mutante im Vergleich zum Wildtyp-Intron, insbesondere Intron A, bevorzugt 90 bis 110 %, weiter bevorzugt 95 bis 105 % beträgt.

Ein weiteres Element des erfindungsgemäßen Expressionssystems ist eine Nukleinsäure für einen CD5-Leader, d.h. für die sekretorische Signalsequenz des Lymphocytenantigens CD 5 (Jones *et al.*, 1986, Nature 323 (6086): 346-349). Diese sekretorische Signalsequenz vermittelt die Sekretion des Expressionsprodukts in das Kulturmedium der Wirtszelle. Der Nukleinsäure für den CD5-Leader und das IL-15/Fc-Fusionsprotein sind im dem Expressionssystem so

angeordnet, dass der Leader die Sekretion des Fusionsproteins vermitteln kann. Vorzugsweise ist der CD5-Leader nach Transkription und Translation im Expressionsprodukt carboxyterminal, genauso bevorzugt aber auch aminoterminal, vom Fusionsprotein lokalisiert.

5 Es zeigte sich überraschenderweise, dass der CD5-Leader in CHO-Zellen eine 200- bis 300-fach höhere Sekretion des Expressionsprodukts ins Zellkulturmedium vermittelt als vergleichbare Signalsequenzen (siehe Beispiel 2, Fig. 8). Auch eingeschlossen sind Mutationen im CD5-Leader, wobei die mutierte Sequenz zu bevorzugt 80 %, weiter bevorzugt zu 90 % und noch weiter bevorzugt zu 95 %, homolog zum natürlich vorkommenden CD5-Leader (Jones *et*
10 *al.*, 1986, Nature 323 (6086): 346-349) ist und/oder die Aktivität der Mutante im Vergleich zum Wildtyp-CD5-Leader bevorzugt 80 bis 120 %, weiter bevorzugt 90 bis 110 % und noch weiter bevorzugt 95 bis 105 % beträgt.

In dem Expressionssystem sind der Promotor und die Nukleinsäure für den CD5-Leader
15 funktionsfähig mit der Nukleinsäure für das IL-15/Fc-Fusionsprotein verknüpft. Unter funktionsfähig verknüpft wird verstanden, dass Promotor und die Nukleinsäure für den Leader in Bezug auf die Nukleinsäure für das Fusionsprotein so angeordnet sind, dass sie ihre Funktion ausüben können. Die Funktion des Promotors besteht in der Regulation der Expression des Fusionsproteins. Wenn beide auf einer Nukleinsäure lokalisiert sind, wird der Promotor sich
20 üblicherweise 5', aber auch 3', vom Fusionsprotein befinden. Die Funktion des Leaders besteht darin, die Sekretion des Fusionsproteins zu vermitteln. Wenn die Nukleinsäure für den Leader und das Fusionsprotein auf einer Nukleinsäure lokalisiert sind, wird der Leader üblicherweise das Fusionsprotein flankieren. Bevorzugterweise wird unter „funktionsfähig verknüpft“ verstanden, dass der Promotor und der CD5-Leader in Relation zum Fusionsprotein so
25 angeordnet sind, dass der Promotor die Expression des Fusionsproteins reguliert und der CD5-Leader die Sekretion des Fusionsproteins bewirkt.

In einer bevorzugten Ausführungsform enthält das Expressionssystem zusätzlich mindestens eine Nukleinsäure für ein selektionierbares Markergen, das eine Selektion z.B. der mit dem
30 Expressionssystem transfizierten Wirtszelle gegenüber nicht-transfizierten Zellen ermöglicht. Markengene sind z.B. resistenzvermittelnden Gene, die in Kombination mit einem

Antibiotikum eingesetzt werden. Dieses Gen wird z.B. in einen Expressionsvektor inseriert und mit einem auf die entsprechend transfizierte Wirtszelle angewandten Antibiotikum eingesetzt. Bekannte zur Selektion eukaryotischer Wirtszellen eingesetzte Antibiotika sind beispielsweise Ampicillin, Kanamycin, Zeocin oder in einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung Neomycin, die eine Selektion von Wirtszellen ermöglichen, indem das entsprechende resistenzvermittelnde Gen exprimiert wird. Dem Fachmann sind weitere Markergene bekannt, bei denen beispielsweise die selektiven Gene tk oder DHFR mit einer Anwendung der entsprechenden selektionierender Agenzien wie HAT bzw. Aminopterin und Methotrexat kombiniert werden. Weitere geeignete selektionierbare Markergene, wie beispielsweise das "Green-Fluorescent-Protein"-Gen aus *A. victoria* und Varianten davon, erlauben eine optische Selektionierung einer mit dem Expressionsvektor transfizierten Wirtszelle, ohne dass die Wirtszelle mit selektionierenden Agenzien behandelt wird.

Bevorzugt wird das für das Enzym Tryptophansynthetase kodierende Gen als selektionierbares Markergen verwendet, wobei das entsprechende Expressionsplasmid zur Selektion und Expression in eine Tryptophansynthetase-defiziente Wirtszelle eingebracht wird.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst das Expressionssystem auch mindestens eine Nukleinsäure für ein Polyadenylierungssignal, das üblicherweise neben der Termination der Transkription auch einen Einfluss auf die Stabilität der RNA-Transkripte hat. Beispiele hierfür sind die Polyadenylierungssequenzen aus SV 40, aus dem β -Globin-Gen oder in einer bevorzugten Ausführungsform aus dem bovinen Wachstumshormon-Gen BGH (EP 173552). Die Nukleinsäure für das Polyadenylierungssignal ist in der Art Teil des Expressionssystems, dass es in der Lage ist, die Expression des Fusionsproteins oder seine Stabilität zu verbessern. Üblicherweise ist sie mit der Nukleinsäure für das Fusionsprotein verbunden, so dass das Transkriptionsprodukt die für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein kodierende Nukleinsäure und das Polyadenylierungssignal umfasst.

In einer noch weiteren Ausführungsform z.B. für die Transkription und/oder Translation in einem zellfreien System enthält das Expressionssystem zusätzlich zu den oben genannten Bestandteilen Komponenten, die zur Expression benötigt werden. Beispiele für solche mögliche

Komponenten sind Transkriptionsfaktoren, Enzyme (z.B. Peptidyl-Transferase, Aminoacyl-tRNS-Synthetase und RNA-Polymerasen) und andere zelluläre Proteine (z.B. eIF4E, eEF1 und eEF2) sowie weitere Hilfsstoffe (ATP, GTP und Magnesiumionen), vorzugsweise t-RNAs, Aminosäuren und/oder Ribosomen.

5 In einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung umfasst das Expressionssystem nur eine Nukleinsäure, die die Komponenten a) bis c) und ggf. d), die alle wie oben definiert sind, enthält.

10 In einer hoch bevorzugten Ausführungsform der Erfindung enthält das Expressionssystem eine Nukleinsäure einer der Sequenzen SEQ ID NR. 1, SEQ ID NR. 2 oder SEQ ID NR. 3 oder eine Nukleinsäure, die für ein Polypeptid der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert. Umfasst ist aber auch eine Nukleinsäure, die eine Sequenzidentität von mindestens ca. 60 %, vorzugsweise ca. 75 %, besonders bevorzugt ca. 90 % und insbesondere ca. 95 % zu einer der in den SEQ ID
15 NR. 1, SEQ ID NR. 2 oder SEQ ID Nr. 3 angegebenen Nukleotidsequenzen oder einer Nukleotidsequenz, die für ein Polypeptid der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert, aufweist, wobei die entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsproteine an den IL-15R binden und eine erhöhte Halbwertszeit im Blut gegenüber dem entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsprotein ohne Immunglobulinkomponente aufweisen (Testsysteme siehe oben).

20 In einer höchst bevorzugten Ausführungsform umfasst das Expressionssystem eine Nukleinsäure auf der von 5' nach 3' die folgenden Bestandteile angeordnet sind: CMV-Promotor und ggf. darauf folgend Intron A, CD5-Leader, IL-15/Fc-Fusionsprotein, insbesondere bestehend aus einem IL-15 mit Punktmutationen an den Aminosäurepositionen 149
25 und/oder 156 des IL-15 von Glutamin zu Aspartat (siehe WO 97/41232) und einem Fc-Teil des humanen IgG1, bei dem der die Aminosäure Cystein an Position 4 der Hinge-Region gegen Alanin ausgetauscht ist, ggf. ein Polyadenylierungssignal und ggf. mindestens ein Markergen. Insbesondere das Markergen kann auch auf einer zweiten Nukleinsäure angeordnet sein. Damit ist auch eine derartige Nukleinsäure (mit oder ohne Markergen) bevorzugte Ausführungsform
30 der erfindungsgemäßen Nukleinsäure.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist eine Nukleinsäure, die das IL-15/Fc-Fusionsprotein, den Promotor, den CD5-Leader, ggf. das selektionierbare Markergen und ggf. das Polyadenylierungssignal umfasst, wobei alle Komponenten wie oben beschrieben sind. In einer bevorzugten Ausführungsform enthält die Nukleinsäure die Sequenz von SEQ ID Nr. 1; SEQ ID Nr. 2 oder 3 oder eine Nukleinsäure, die für ein Polypeptid der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert. Umfasst ist aber auch eine Nukleinsäure, die eine Sequenzidentität von mindestens ca. 60 %, vorzugsweise ca. 75 %, besonders bevorzugt ca. 90 % und insbesondere ca. 95 % zu einer der in den SEQ ID NR. 1, SEQ ID NR. 2 oder SEQ. ID Nr. 3 angegebenen Nukleotidsequenzen oder einer Nukleotidsequenz, die für ein Polypeptid der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert, aufweist, wobei die entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsproteine an den IL-15R binden und eine erhöhte Halbwertszeit im Blut gegenüber dem entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsprotein ohne Immunglobulinkomponente aufweisen (Testsysteme siehe oben).

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist eine Wirtszelle, die ein erfindungsgemäßes Expressionssystem oder eine erfindungsgemäße Nukleinsäure enthält.

Als Wirtszellen können eukaryotische Zellen wie Hefezellen (z.B. *S. cerevisiae*, *P. pastoris*), Insektenzellen (z.B. Sf9) oder Säugerzellen verwendet werden. Beispiele solcher Säugerzellen sind die humane embryonale Nierenzelllinie HEK-293, die aus Ovarienzellen des chinesischen Hamsters hergestellte Zelllinie CHO und ihre Derivate, wie z.B. CHO-K1 und CHO-DHFR, die Zelllinien BHK, NIH 3T3, HeLa, COS-1, COS-7 oder NS.1. Vorzugsweise handelt es sich um eine Säugerzelle, weiter bevorzugt um eine CHO-Zelle oder deren Derivate, am meisten bevorzugt um eine CHO-K1-Zelllinie.

In einer bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei der Wirtszelle um solche Zellen, die mit der/den Nukleinsäure(n) des Expressionssystems stabil transfiziert sind. Bei stabil transfizierten Zellen wird das Expressionssystem in das Genom der Zielzelle eingebaut und verbleibt stabil im Genom. Das übertragene Gen wird hier im Gegensatz zur transienten Transfektion nicht nur nicht abgebaut, sondern bei jeder Zellteilung verdoppelt und an die Tochterzellen weitergegeben. Diese behalten damit die Fähigkeit, das gewünschte Protein über einen langen Zeitraum hinweg herzustellen.

Verfahren zum Herstellen transfizierter, insbesondere stabil transfizierter, Zellen sind dem Fachmann bekannt. Die Transformation der Wirtszelle kann beispielsweise mittels Elektroporation, bei der durch kurzzeitiges Anlegen eines elektrischen Feldes eine Permeabilisierung der Zellmembran die Aufnahme von Nukleinsäuren in die Zelle erlaubt, oder durch Transfektion oder Infektion mit einem viralen Vektor erfolgen. Neben einer transienten Expression des rekombinanten Proteins kann das verwendete Expressionssystem auch eine klonale Selektionierung der transfizierten Wirtszellen erlauben, so dass klonale Zelllinien mit einer geeigneten Expressionseffizienz selektiert werden können.

In einer bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei der Wirtszelle um eine eukaryotische Säugerzelle, die mindestens eine Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR. 1, SEQ ID NR. 2 oder SEQ ID NR. 3 oder eine Nukleinsäure, die für die Polypeptide der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert, enthält. Umfasst sind auch die Nukleinsäuren, die eine Sequenzidentität von mindestens ca. 60 %, vorzugsweise ca. 75 %, besonders bevorzugt ca. 90 % und insbesondere ca. 95 % zu den genannten Sequenzen aufweisen, wobei die entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsproteine an den IL-15R binden und eine erhöhte Halbwertszeit im Blut gegenüber dem entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsprotein ohne Immunglobulinkomponente aufweisen (Testsysteme siehe oben).

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei der erfindungsgemäßen Wirtszelle um eine Zelle der Linie CHO-K1 (Subklon von Ovarienzellen des Chinesischen Hamsters), die mit mindestens einer Nukleinsäure gemäß SEQ ID NR. 1, SEQ ID NR. 2 und/oder SEQ ID NR. 3 oder einer Nukleinsäure, die für die Polypeptide der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert, stabil transfiziert ist. Umfasst sind auch die Nukleinsäuren, die eine Sequenzidentität von mindestens ca. 60 %, vorzugsweise ca. 75 %, besonders bevorzugt ca. 90 % und insbesondere ca. 95 % zu den genannten Sequenzen aufweisen, wobei die entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsproteine an den IL-15R binden und eine erhöhte Halbwertszeit im Blut gegenüber dem entsprechenden IL-15/Fc-Fusionsprotein ohne Immunglobulinkomponente aufweisen (Testsysteme siehe oben).

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur Herstellung eines wie oben definierten IL-15/Fc-Fusionsproteins, umfassend

- a. Bereitstellen einer wie oben beschriebenen Wirtszelle,
- b. Kultivieren der Wirtszelle,
- c. gegebenenfalls Selektionieren und
- d. Isolieren des exprimierten IL-15/Fc-Fusionsproteins.

Als Wirtszellen können beispielsweise die oben beschriebenen Zellen verwendet werden. Vorzugsweise handelt es sich um eine Säugerzelle, weiter bevorzugt um eine CHO-Zelle oder deren Derivate, am meisten bevorzugt um eine CHO-K1-Zelllinie. Die Transfektion einer geeigneten Wirtszelle mit den für das IL-15/Fc-Fusionsprotein kodierenden Nukleinsäuren kann nach Standardmethoden erfolgen (Sambrook *et al.*, 1989, *supra*).

Bei den transfizierten Wirtszellen kann es sich sowohl um adhärenz Zellen als auch um eine Suspensionskultur handeln. Vorteilhafterweise liegen die verwendeten Wirtszellen in Suspensionskultur vor, was eine Verringerung der Expressionseffizienz während der Adaptation von adhärenz Zellen zu Suspensionszellen vermeidet.

Die Kultivierung von primären Zellen und Zelllinien kann nach Standardmethoden (Freshney, 1993, *Animal Cell Culture: A practical approach*, John Wiley & Sons, Inc.) in geeigneten Nährmedien unter Fermentationsbedingungen erfolgen, die den Anforderungen der jeweils verwendeten Wirtszellen hinsichtlich Salzkonzentration, pH-Wert, Vitaminen, Spurenelementen, selektionierenden Agenzien, Temperatur, Belüftung etc. angepasst sind und eine optimale Expression des gewünschten Expressionsprodukts ermöglichen. Vorteilhafterweise werden Nährmedien verwendet, die frei von Serum bzw. Fremdproteinen sind und eine höhere Reinheit des Expressionsproduktes gewährleisten.

Unter Selektionierung, insbesondere klonalem Selektionieren, ist ein Verfahren zu verstehen, bei dem durch schrittweise Vereinzelung Wirtszellen mit gewünschten Eigenschaften vermehrt werden. Vorzugsweise werden mit dem Verfahren der klonalen Selektion solche Wirtszellklone

ausgewählt, die eine ausreichende Expressionshöhe und/oder ein hohes Glykosilierungsmuster und Sialysierungsstatus des Expressionsprodukts gewährleisten. Glykosilierungsmuster und Sialysierungsstatus beeinflussen unter anderem die Halbwertszeit, Biodistribution, Immunogenität und das Aufreinigungsverhalten des Expressionsprodukts. Geeignete Verfahren zur Bestimmung des Glykosilierungsmusters und Sialinsäurestatus sind dem Fachmann bekannt und umfassen unter anderem kombinierte enzymatische Spaltungen mit IEF (isoelektrische Fokussierung), sowie HPAEC-PAD (High-performance anion-exchange chromatography with pulsed amperometric detection).

Weiterhin umfasst das erfindungsgemäße Verfahren die Isolierung der heterolog exprimierten IL-15/Fc-Fusionsproteine aus den Wirtszellen bzw. in einer bevorzugten Ausführungsform aus dem Kulturmedium der Wirtszellen. Die Isolierung und ggf. Aufreinigung rekombinanter Polypeptide kann nach dem Fachmann bekannten Methoden erfolgen, die beispielsweise Zelllyse, differentielle Zentrifugation, Fällung, Gelfiltration, Affinitätschromatographie, Ionenaustauschchromatographie, HPLC Reverse-Phase-Chromatographie etc. umfassen. Eine geeignete Methode zur Aufreinigung rekombinanter Proteine ist beispielsweise die Affinitätschromatographie, bei der eine unlösliche Matrix durch chemische Behandlung einen Liganden binden kann. Als Ligand kann jedes Molekül mit einer aktiven chemischen Gruppe dienen, die an die Matrix zu binden vermag. Der Ligand wird im Allgemeinen so gewählt, dass er das aufzureinigende Polypeptid in reversibler Form zu binden vermag. Das aufzureinigende Molekül wird im vorgereinigten Kulturmedium der Wirtszellen unter Bedingungen, die seine Bindung an den Liganden begünstigen, auf die Matrix appliziert, ein nachfolgender Waschschritt bewirkt die Entfernung von ungebundenen Molekülen aus dem Kulturmedium. Die Elution des aufzureinigenden Polypeptids kann durch Auftragen einer Lösung erfolgen, die die Bindung des Polypeptids vom Liganden löst. Ein weiteres geeignetes Verfahren ist die Anionenaustauschchromatographie, bei der die Bindung der aufzureinigenden Polypeptide an die Matrix über einen positiven oder negativen Ladungsüberschuss erfolgen kann. In einer bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens erfolgt die Aufreinigung der Expressionsprodukte zunächst durch Abtrennung des Zellkulturmediums von den Wirtszellen, dem ein Zentrifugations- und/oder Filtrationsschritt zur Entfernung von Zellresten folgen kann. Die Aufreinigung der rekombinanten IL-15/Fc-Fusionsproteine aus dem vorgereinigten

Kulturmedium der Wirtszellen wird in einer bevorzugten Ausführungsform mittels einer Kombination von Protein A-Affinitätschromatographie und Anionenaustauschchromatographie durchgeführt, an die sich gegebenenfalls eine Gelfiltration anschließt. Die Charakterisierung der so gewonnenen Expressionsprodukte hinsichtlich Menge, Identität und Reinheit kann
5 anschließend mittels dem Fachmann bekannten Methoden wie BCA, Bestimmung der optischen Dichte, SDS-PAGE, Western Blot, ELISA, Aminosäureanalyse, aminoterminaler Sequenzierung, Fingerprinting (MALDI), Molekulargewichtsbestimmung (HPLC-ESI) etc. vorgenommen werden.

10 Ein besonders bevorzugtes Verfahren zur Aufreinigung von IL-15/Fc aus einer Zusammensetzung umfasst die folgenden Schritte:

- a) Auftragen der Zusammensetzung auf eine Affinitätschromatographiesäule und Eluieren eines ersten IL-15/Fc-Eluats von der Säule;
- 15 b) Auftragen des Eluats aus Schritt a) auf eine Anionenaustauscherchromatographiesäule und Eluieren eines zweiten IL-15/Fc-Eluats von der Säule; und
- c) Auftragen des Eluats aus Schritt b) auf eine Gelfiltrationssäule und Eluieren eines dritten IL-15/Fc-Eluats von der Säule.

20 In einer bevorzugten Ausführungsform ermöglicht das erfindungsgemäßen Verfahren die Herstellung eines IL-15/Fc-Fusionsproteins in einer Menge von mindestens 10 pg/(Zelle x Tag), mehr bevorzugt von mindestens 15 pg/(Zelle x Tag).

25 In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform liegt das Protein nach der Aufreinigung in einer Reinheit von mindestens 90 %, mehr bevorzugt mindestens 95 % und am meisten bevorzugt von mindestens 99 %, vor.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist Verwendung eines/r wie oben definierten Expressionssystems, Nukleinsäure oder Wirtszelle zur Herstellung eines IL-15-Fc-Fusionsproteins, wobei die Verwendung wie oben beschrieben erfolgt.
30

Ein noch weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung eines CD5-Leaders, der wie oben definiert ist, zur Expression eines Proteins in CHO-Zellen und ihren Derivaten, insbesondere CHO-K1-Zellen. Überraschenderweise konnte gezeigt werden, dass bei Verwendung des CD5-Leaders die Expression des Proteins bzw. seine Abgabe in den Zellkulturüberstand 200- bis 300-fach gegenüber einer Expression ohne Leader erhöht ist. Darüber hinaus wurde gezeigt, dass der CD5-Leader an diesen Zellen anderen Leadern deutlich überlegen ist (siehe Beispiel 2, Fig. 8). Bei dem Protein kann es sich um ein beliebiges Protein handeln. In einer bevorzugten Ausführungsform wird die Expression des Proteins von einem CMV-Promotor, insbesondere in Kombination mit Intron A, reguliert wird.

Die folgenden Beispiele und Figuren sollen die Erfindung erläutern, ohne sie darauf zu beschränken.

BESCHREIBUNG DER FIGUREN

Fig. 1 zeigt eine Karte des Expressionskonstrukts pcDNA3.1hCD5.6Ala7.

Fig. 2 - 3 zeigt die Sequenz des Expressionskonstrukts pcDNA3.1hCD5.6Ala7 (SEQ ID NR. 1).

Fig. 4 zeigt eine Karte des Expressionskonstrukts pMG10Ala7.

Fig. 5 - 6 zeigt die Sequenz des Expressionskonstrukts pMG10Ala7 (SEQ ID NR. 2).

Fig. 7 A zeigt die Nukleinsäuresequenz des humanen mutierten IL-15/Fc mit CD5 Leader (SEQ ID NR. 3)

Fig. 7 B zeigt die Aminosäuresequenz des humanen mutierten IL-15/Fc mit CD5 Leader (SEQ ID NR. 4)

Fig. 7 C zeigt die Aminosäuresequenz des murinen mutierten IL-15/Fc mit CD5 Leader (SEQ ID NR. 5)

Fig. 8 zeigt den IL-15/Fc-Gehalt in Zellkulturüberständen von CHO-K1-Zellen nach Transfektion mit dem Plasmid pcDNA3.1hCD5.6Ala7, das die jeweils angegebene Leadersequenz enthielt.

Fig. 9 zeigt den IL-15/Fc-Gehalt in Zellkulturüberständen von CHO-K1-Zellen nach Transfektion mit verschiedenen Expressionskonstrukten. Jeder Balken repräsentiert

den Mittelwert + SEM von Duplikatsbestimmungen von jeweils 2 unabhängigen Experimenten.

pcDNA3.1 entspricht dem Vektor pcDNA3.1hCD5.6Ala7.

pVS8-Ala7 entspricht pSwitch-Plasmid (Valentis) mit dem Konstrukt für IL-15/Fc-Konstrukt.

pMG-Ala7 entspricht pMG-Plasmid (Invivogen) mit dem Konstrukt für IL-15/Fc-Konstrukt.

pCINeo-Ala7 entspricht pCI-Neo-Plasmid (Promega) mit dem Konstrukt für IL-15/Fc-Konstrukt.

BEISPIELE

Beispiel 1: Herstellung von IL-15/Fc in CHO-K1-Zellen

Für die Bildung einer CHO-K1-Produzentenzelllinie für IL-15/Fc sollte ein Expressionskonstrukt für IL-15/Fc gebildet und hinsichtlich seiner sekretorischen Eigenschaften, der Identität/Integrität der enthaltenen Fragmente und geeigneter Resistenzgene optimiert werden.

a) Ausgangsmaterialien

Ein humanes IL-15/Fc-Expressionskonstrukt (mutiertes IL-15/humanes-Fc) wurde von der Immunologieabteilung des „Beth Israel Deaconness Medical Center“ (Harvard Medical School, Boston, USA) zur Verfügung gestellt.

Die Oligonukleotide wurden von MWG-Biotech (Ebersberg, Deutschland) erhalten. Die Sequenzen für die relevanten Signalpeptide wurden aus Genbanken erhalten.

Die Restriktionsenzyme (BglII, XbaI, BamHI, SmaI, BstXI, ApaI), Lipfectamin2000, andere molekularbiologische Reagenzien (T4-DNA-Ligase, T4-Polynukleotidkinase) und die Plasmide

pSecTagA, pcDNA3.1 wurden von Invitrogen (Karlsruhe, Deutschland) oder Amersham-Pharmacia (NheI, Protein A Sepharose Uppsala, Schweden) erhalten.

Kompetente *E. coli* XL10-Gold-Zellen wurden von Strategene (La Jolla, USA) bezogen. Der
5 BCA-Kit (Pierce) wurde von KMF Laborchemie (Sankt Augustin, Deutschland) erworben.

Die Plasmid-DNA-Reinigungs-Kits (Endofree-Maxi-Kit, Endofree-Giga-Kit) stammten von Qiagen (Hilden, Deutschland).

10 Die Antikörper wurden von BD-Pharmingen (Maus-anti-hIL-15; Katalognummer 554712; Heidelberg, Deutschland) und Dianova (Ziege-anti-Maus-POD; Katalognummer 15-036-003; Ziege-anti-human-POD; Katalognummer 109-036-088; Hamburg, Deutschland) erhalten.

b) Methoden/Ergebnisse

15 Das Ausgangsplasmid enthielt in dem Vektorgerüst von pSecTagA die cDNA eines Fusionsproteins umfassend ein mutiertes human IL-15, welches an den Fc-Teil (Hinge-Region und CH2-, CH3-Region) des humanen IgG1 fusioniert war. Die Struktur des Plasmid entspricht der von Kim *et al.* beschriebenen (*J. Immunol.*, 160: 5742-5748; 1998) mit der Ausnahme, dass
20 der Fc-Teil, welcher in dieser Veröffentlichung zitiert wird, ein murines Igγ2a ist.

Zur Sekretion des Fusionsproteins wurde der Igk-Leader, der bereits in dem pSecTagA-Vektor enthalten ist, durch Klonieren des IL-15/Fc-Teils im Leserahmen verwendet. Hierfür wurde aus der nativen IL-15-Sequenz die intrinsische Signalsequenz entfernt. Allerdings wurden aufgrund
25 der Klonierung zwischen dem 3'-Ende der Igk-Leadersequenz und dem 5'-Ende der IL-15-kodierenden Sequenz 10 zusätzliche Aminosäuren eingeführt, die nach dem Prozessieren des Proteins beim sekretierten Protein erhalten blieben. Um diese unspezifischen Aminosäuren zu entfernen und die sekretorischen Eigenschaften des Proteins zu verbessern, wurden verschiedene Leadersequenzen anderer sekretorischer oder Zelloberflächenproteine getestet:
30 murines Igk (Coloma *et al.*, *J. Immun. Methods* 152: 89-104; 1992; Zugangsnummer X91670), humanes CD5 (Jones *et al.*, *Nature* 323: 346-349; 1986; Zugangsnummer X04391), CD4

(Hodge *et al.*, *Hum. Immunol.* 30: 99-104; 1991; Zugangsnummer M35160), MCP-1 (Yoshimura *et al.* *Je. FEBS Lett.* 244: 487-493; 1989; Zugangsnummer M24545) und IL-2 (Taniguchi *et al.*, *Nature* 302: 305-310; 1983; Zugangsnummer K02056) (Zugangsnummern beziehen sich auf das „National Center for Biotechnology Information“). Nach Entfernen des Igk-Leaders und der zusätzlichen Aminosäuren wurde der Leader durch die genannten Signalpeptidsequenzen durch Klonieren von doppelsträngigen Oligonukleotiden ersetzt. Die Identität wurde durch Sequenzieren überprüft. Danach wurden die resultierenden Konstrukte durch transiente Transfektion von HEK-293-Zellen unter Verwendung von Lipfectamin2000 getestet. Der Proteingehalt der Zellkulturüberstände der Zellen, die mit den verschiedenen Konstrukten transfiziert wurden, wurde nach Protein-A-Sepharose-Reinigung nach dem Verfahren von Moll und Vestweber (*Methods in Molecular Biology*, 96: 77-84, 1999) mittels BCA-Test gemessen. Die Identität des Proteins wurde mittels Silberfärbung des SDS-Gels und Western-Blots gegen entweder den Fc- oder den IL-15-Teil überprüft, um die Gegenwart beider Komponenten des Fusionsproteins sicherzustellen. Der CD5-Leader ergab in den beschriebenen Experimenten die besten Ergebnisse und wurde für die weitere Vektroptimierung ausgewählt.

Weiterhin wurde getestet, ob das Ersetzen der cDNA des Fc-Teils durch die genomische DNA, welche Exon/Intron-Strukturen enthielt, auch zu einer verbesserten Proteinexpression beiträgt. Der RNA-Export aus dem Kern und auch die RNA-Stabilität kann durch das Vorhandensein von Introns verbessert werden, die durch den Splice-Apparat des Kerns entfernt werden müssen. Daher wurde der genomische Fc-Teil an die IL-15-cDNA-Sequenz durch Insertion von Splice-Donor- und -Akzeptorstellen gebunden. Die resultierenden Plasmide wurden ebenfalls durch verschiedene Leadersequenzen modifiziert und wie oben beschrieben getestet. Die Proteinanalyse durch Western-Blot ergab allerdings, dass verschiedene unerwünschte Splice-Varianten vorhanden waren, so dass man sich entschloss, weiterhin die cDNA-Form des Fc-Teils zu verwenden.

Das resultierende Plasmid enthält folglich aus einem humanen CD5-Leader und einem cDNA-Fc-Teil.

Das Sequenzieren des mutierten IL-15/Fc-Expressionskonstrukts ergab, dass 3 Mutationen innerhalb des Fc-Teils vorhanden waren, die schon im Originalkonstrukt vorkamen. Zwei dieser Mutationen betrafen Aminosäuren an hoch konservierten Positionen. Die dritte Mutation war eine Cys-Ala-Mutation an Position 4 in der Hinge-Region, welche absichtlich eingefügt wurde, um die Bildung intra- und intermolekularer Cystein-Brücken zu unterbinden.

Um die zwei unerwünschten Mutationen unter Beibehaltung der Cys-Ala-Mutation zu entfernen, wurde die Fc-cDNA mittels RT-PCR umklont. Als RNA-Quelle diente eine CHO-K1-Zelllinie, die mit einem Konstrukt transfiziert war, welches für ein VCAM-1-Fc-Fusionsprotein kodiert. Das amplifizierte Fc-cDNA-Fragment wurde in das CD5-mutIL-15-Plasmid kloniert, wobei der Fc-Teil durch BamHI/XbaI-Restriktion entfernt wurde.

Das resultierende Plasmid wurde wiederum anhand distinkter Restriktionsmuster und mittels anschließenden Sequenzierens analysiert und CD5-6Ala7 genannt. Da die Verwendung von Zeocin als DNA-interkalierendes Agens Mutationen verursachen könnte, wurde die Expressionskassette für IL-15/Fc aus dem ursprünglichen pSecTagA-Gerüst entfernt und in pcDNA3.1 kloniert, welches das Neomycin-Resistenzgen unter der Kontrolle des SV40-Promotors enthält. Beide Stränge des resultierenden Plasmids wurden sequenziert und ergaben eine vollständige Übereinstimmung mit der IL-15/Fc-Expressionskassette.

Das Konstrukt wurde wiederum auf seine Proteinexpression mittels transienter Transfektion von CHO-K1-Zellen und Western-Blot-Analysen des Zellkulturüberstands getestet. Als positive Kontrolle wurde parallel hierzu eine Transfektion mit dem Plasmid CD5-6Ala7 durchgeführt.

Hierzu wurden die Zellen einen Tag vor der Transfektion mit einer Dichte von 5×10^5 Zellen pro Vertiefung in Gewebekulturplatten mit 6 Vertiefungen in Triplikaten ausgesät. Zur Transfektion wurden 2 µg Plasmid und 4 µl Lipofectamin2000, welche jeweils in 250 µl Optimem1-Medium verdünnt wurden, verwendet. Beide Lösungen wurden gemischt und nach 30 min Inkubation bei Raumtemperatur wurde das Gemisch in die Kulturmedien der Gewebekulturplatten pipettiert.

2 Tage nach der Transfektion wurde das Kulturmedium entfernt und auf seinen IL-15/Fc-Gehalt durch einen Western-Blot gegen den humanen IL-15-Teil analysiert: 20 µl des Zellkulturüberstands wurden mit 5 µl 5 x Laemmli-Puffer gemischt und bei 85°C für 5 min inkubiert. Dann wurden die Proben über ein 12% Polyacrylamidgel laufen gelassen. Danach wurde das Gel unter Verwendung einer halbtrockenen Blotkammer geblottet. Der Blot wurde über Nacht mit Blockerlösung enthaltend 5% Milchpulver in PBS, 0,1% Tween20 behandelt. Danach wurde der Blot für 4 Stunden mit einem monoklonalen Maus-anti-humanen-IL-15-Antikörper in einer 1:1000-Verdünnung in Blockerlösung inkubiert. Nach 3 Waschschritten (10 min PBS, 0,1% Tween20) wurde der Blot mit dem Zweitantikörper Ziege-gegen-Maus-Peroxidase (Verdünnung 1:5000) für weitere 2 Stunden bei Raumtemperatur inkubiert. Der Blot wurde wiederum 3 Mal gewaschen und danach Lumilight-Lösung auf die Oberfläche des Blots getropft und ein Röntgenfilm wurde dem Blot ausgesetzt.

Spezifische Western-Blot-Signale im Bereich der Signale, die nach Transfektion mit CD5-6A1a7 erhalten wurden, ergaben, dass die Zellkulturüberstände aller 3 Paralleltransfektionen IL-15/Fc als Protein enthielten. Es konnte daher gezeigt werden, dass das Plasmid pcDNA3.1hCD5.6A1a7 (Fig. 1 bis 3) zur Proteinexpression in CHO-K1-Zellen verwendet werden kann.

c) Schlussfolgerungen

Ein IL-15/Fc-Plasmid pcDNA3.1hCD5.6A1a7 wurde hergestellt, welches eine Expressionskassette enthielt, die einen CD5-Leader mit einem mutierten humanen IL-15, welches an die cDNA von humanem IgG1-Fc unter der Kontrolle des CMV-Promotors fusioniert war, enthielt. Zur Selektion von stabilen eukaryotischen Zellklonen wurde ein Neomycin-Resistenzgen eingeführt. Das Plasmid wurde sequenziert und ergab eine 100%-ige Übereinstimmung in den relevanten kodierenden Bereichen mit nur einer geringen Diskrepanz (Wiederholung von 3 Basenpaaren) ohne irgendeine Relevanz in dem Vektorgerüst. Die Funktionalität des Konstrukts wurde durch transiente Transfektion von CHO-K1-Zellen überprüft.

BEISPIEL 2

Die Transfektion eukaryotischer Zelllinien (z.B. CHO-K1-Zellen) mit einem Plasmid, das die DNA für das gewünschte Produkt enthält, ist ein Standardverfahren zur Produktion therapeutischer Proteine. Dennoch sind die niedrigen Produktivitätsspiegel der so hergestellten stabilen Zellklone ein gemeinhin bekanntes Problem. Daher gibt es verschiedene Strategien zur Erhöhung der Produktivität einer bestehenden Zelllinie. Abgesehen von dem Versuch, die Zahl der Plasmidkopien in der Zelle zu erhöhen (z.B. durch das Methotrexat/DHFR-System), besteht weiterhin die Möglichkeit, das Expressionskonstrukt selbst zu modifizieren. Zusätzlich zu einem starken Promotor (z.B. dem CMV-Promotor) führt das Einführen eines Introns möglicherweise zu einer besseren RNA-Stabilität und einem besseren Export der RNA aus dem Kern, welcher von dem Splice-Apparat der Zelle durchgeführt wird. Dennoch muss getestet werden, welche Kombination von Intron/Transgen geeignet ist. Hierfür wurden verschiedene Introns mit dem humanen IL-15-Fc kombiniert, um eine Kombination zu finden, die die IL-15-Fc-Produktion von CHO-K1-Zellen erhöht.

a) Materialien

Als Plasmid wurde das Plasmid pcDNA3.1hCD5.6Ala7 als Ausgangsplasmid verwendet. Es ist schematisch in Figur 1 dargestellt. Seine Sequenz ist als SEQ ID NR. 1 offenbart.

Als Testsystem wurden sowohl CHO-K1-Zellen (DSM, Braunschweig, Deutschland, Zugangsnummer: ACC110) als auch HEK-293-Zellen (Qbiogene, Grünberg, Deutschland, AE80503, QBI-293A) verwendet. Weiterhin wurden *E. coli*-Zellen (XL10-Gold, Strategene, La Jolla, USA) eingesetzt. Die Zellen wurden unter Standardkulturbedingungen (5% CO₂, 37°C, Feuchtklima) kultiviert. Die CHO-K1-Zellen wurden zwei Mal pro Woche im Verhältnis 1:20 und die HEK-293-Zellen im Verhältnis 1:6 passagiert. Als Medium wurden für die CHO-K1-Zellen DMEM-F12+10% FKS+1% PEN/Strep und für die HEK-293-Zellen DMEM+Glutamax+10% FKS+1% PEN/Strep eingesetzt. Zur Transfektion wurde Optimem1-Medium verwendet. Alle Medien wurden von Invitrogen, Karlsruhe, Deutschland

(Katalognummern 31331-028; 32430-027; 51985-018) eingesetzt. Als Plasmid wurde ein pCI-Neo (Promega) mit einem CMV-Promotor und einem chimären Intron, einer 5'-Splice-Donorstelle des humanen beta-Globin-Gens sowie einer 3'-Splice-Akzeptorstelle der IgG-schweren Kette der variablen Region eingesetzt. pMG (Invivogen) ist ein prolongierter CMV-Promotor mit einem IntronA aus CMV. pSwitch (Valentis) ist ein synthetisches Intron IVS8. Weiterhin wurden die folgenden Enzyme bzw. Restriktionsenzyme verwendet: ApaI, EcoRV, XbaI, NruI, PacI, SmaI, XhoI, T4-DNA-Ligase, T4-DNA-Polymerase, alkaline Phosphatase aus Kälberinnereien. Diese und andere molekularbiologische Reagenzien (Lipofectamin2000) wurden von Invitrogen erhalten. NheI wurden von Amersham-Pharmacia (Uppsala, Schweden) und die Plasmidreinigungs-Kits von Qiagen, Hilden, Deutschland, erhalten. Das „Expand High Fidelity PCR-System“ (Katalognummer 1.732.641) wurde von Roche, Mannheim, Deutschland, erhalten.

b) Methoden

- i) Das IL-15/Fc-Insert aus dem Plasmid pcDNA3.1hCD5.6Ala7 wurde durch NheI/ApaI-Verdau isoliert. Zuerst wurde das Plasmid durch eine ApaI-Restriktion linearisiert und die 5'-Überhänge durch T4-Polymerasebehandlung stumpfendig gemacht. Danach wurde das IL-15/Fc-Insert durch einen anschließenden NheI-Verdau isoliert. Das Fragment wurde mit pcI Neo, welches mit NheI und SmaI verdaut worden war, ligiert.
- ii) Der CMV-Promotor von pcDNA3.1hCD5.6Ala7 wurde entfernt und durch den verlängerten CMV-Promotor mit Intron A, welcher aus pMG stammte, ersetzt: Das pMG-Plasmid wurde mit PacI geschnitten und die Überhänge mittels T4-Polymerasebehandlung stumpfendig gemacht. Nach einer zweiten XbaI-Behandlung wurde das so erhaltene 1,7 kb Fragment, welches den CMV-Promotor + Intron A enthielt, durch Agarosegelelektrophorese gereinigt. Mittels NheI- und anschließend NruI-Restriktionsverdau wurde der CMV-Promotor aus pcDNA3.hCD5.6Ala7 entfernt. Das resultierende Fragment wurde bei 4°C über Nacht mit dem pMG-Promotor-Intron ligiert.

iii) Das Intron IVS8 wurde mittels PCR amplifiziert und zwischen das 3'-Ende des CMV-Promotors und das 5-Ende des IL-15-Inserts in pcDNA3.1hCD5.6Ala7 kloniert. Das Plasmid wurde mittels NheI-Restriktionsverdau linearisiert und anschließend mit alkaliner Phosphatase aus Kälbereingeweiden behandelt. Das Intron wurde durch PCR mit Primern, die XbaI-Restriktionsschnittstellen enthielten, unter Verwendung des „Expand High Fidelity PCR-Systems“ unter den folgenden Bedingungen amplifiziert: Als Reaktionsgemisch wurden 2 µl dNTPs (Qiagen, Taq core kit, 2 mmol/l jedes), 25 pmol Primer, 5 µl 10 x Puffer, 0,75 µl High Fidelity Taq Polymerase, 1 µl (ungefähr 15 ng) pSwitch-XhoI/EcoRV-Fragment ad 50 µl Wasser verwendet. Das PCR-Programm (25 Zyklen) war wie folgt: 5 min 95°C, 15 sec 94°C, 30 sec 55°C, 30 sec 72°C, 5 min 72°C. Das PCR-Produkt wurde mit XbaI geschnitten, aus einem 0,8% Agarosegel eluiert und mit dem linearisierten Plasmid ligiert.

Die resultierenden Plasmide wurden in *E. coli* XL10 Gold transformiert und die Plasmide mittels Miniprep analysiert. Ein Klon eines jeden Plasmids, welches ein geeignetes Restriktionsmuster zeigte, wurde für die anschließende Endotoxin-freie Plasmidpräparation verwendet.

Die IL-15/Fc-Expression wurde nach transienter Transfektion von HEK-293- oder CHO-K1-Zellen analysiert. Einen Tag vor Durchführung der Transfektion wurden die Zellen in einer Dichte von 5×10^5 Zellen pro Vertiefung in Zellkulturplatten mit sechs Vertiefungen in Duplikaten ausgesät. Zur Transfektion entsprechend Felgner et al. (Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84:7413-7417; 1987) wurden 2 µg Plasmid und 4 µl Lipofectamin2000 jeweils in 250 µl Optimem1-Medium verdünnt. Beide Lösungen wurden gemischt und nach 30 Minuten Inkubation bei Raumtemperatur wurde das Gemisch in das Zellkulturmedium in den Zellkulturplatten pipettiert. Zwei Tage nach der Transfektion wurde das Kulturmedium entfernt und auf den IL-15/Fc-Gehalt durch einen gegen den Fc-Teil von IL-15/Fc gerichteten ELISA-Test bestimmt.

c) Ergebnisse

Die IL-15/Fc-Sekretion von HEK-293-Zellen, die mit verschiedenen Expressionskonstrukten transfiguriert waren, wurden durch andere Vektorkomponenten kaum beeinflusst. Im Gegensatz dazu war die IL-15/Fc-Expression von CHO-K1-Zellen um den Faktor 200-300 nach der Insertion eines Introns in das IL-15/Fc-Konstrukt erhöht. Das Originalkonstrukt pcDNA3.1hCD5.6Ala7 führte zu Proteinsekretionsspiegeln, die kaum nachweisbar waren (unter 10 ng/ml), wobei die Insertion eines Introns zu IL-15/Fc-Spiegeln von ungefähr 300 ng/ml nach Transfektion der Zellen mit pMG10Ala7 (Fig. 4 bis 6; SEQ ID NR. 2) führte. Die ELISA-Daten, die die IL-15/Fc-Expressionsspiegel in CHO-K1-Zellen zeigen, sind in Figur 4 dargestellt. Da die Expressionsspiegel nach Transfektion mit dem pMG-Konstrukt am höchsten waren, wurde dies für die Bildung einer stabilen CHO-K1-Expressionszelllinie ausgewählt.

Hierzu wurde das Plasmid zunächst einer Einzelstrangsequenzierung unterzogen. Beide Stränge des Konstrukts wurden in dem Bereich, der die IL-15/Fc-Kassette, den neu insertierten CMV-Promotor und das Intronfragment enthielt, sequenziert. Das Plasmid enthielt die IL-15/Fc-Kassette unter der Kontrolle des CMV-Promotors. Zwischen dem Promotor und dem Translationsstart wurde das Intron A, welches aus CMV (Plasmid MG) stammte, positioniert. Das Plasmid enthielt stromabwärts des IL-15/Fc-Fragments eine BGHpolyA-Stelle; das Neomycin-Resistenzgen wurde von einem SV40-Promotor gesteuert und enthielt auch eine SV40polyA-Stelle. Zur Selektion und Amplifikation in *E. coli* enthielt das Plasmid ein Ampicillin-Resistenzgen.

d) Diskussion und Schlussfolgerungen

Um den Proteinерtrag der stabilen CHO-K1-IL-15/Fc-Transfektanten zu erhöhen, wurde das Expressionsplasmid durch Einführen eines Introns zwischen dem Promotor und der IL-15/Fc-Kassette modifiziert. Die Kombination Intron-Transgen-Wirtszelle hat einen großen Einfluss auf die Proteinexpression, weshalb es nicht vorhersagbar ist, welches Intron am wirksamsten in der Steigerung der IL-15/Fc-Expression in den beiden analysierten Zelltypen ist.

Während HEK-293-Zellen von der Einführung des Introns kaum beeinflusst wurden, wurde in CHO-K1-Zellen eine große Erhöhung der IL-15/Fc-Sekretion nachgewiesen. Die Expression des IL-15/Fc-Proteins in CHO-K1-Zellen wurde über weit mehr als eine Größenordnung im Vergleich zum ursprünglichen IL-15/Fc-Expressionsvektor erhöht, wobei ein Plasmid verwendet wurde, das den CMV-Promotor und Intron A aus pMG enthielt. Das Plasmid kann zur Herstellung einer IL-15/Fc-Produzentenzelllinie verwendet werden, die zur Herstellung von IL-15/Fc für vorklinische und klinische Studien oder auch zur industriellen Produktion von IL-15/Fc eingesetzt werden kann.

14. April 2004

- 1 -

F. Hoffmann-La Roche AG

14. April 2004
C62387EP BÖ/FLZ/ATE

Patentansprüche

1. Expressionssystem enthaltend eine oder mehrere Nukleinsäure(n) umfassend
 - a) mindestens eine Nukleinsäure für ein IL-15/Fc-Fusionsprotein,
 - b) mindestens einen Promotor und
 - c) mindestens eine Nukleinsäure für einen CD5-Leader,wobei der Promotor und die Nukleinsäure für den CD5-Leader funktionsfähig mit der Nukleinsäure für das IL-15/Fc-Fusionsprotein verknüpft sind.
2. Expressionssystem nach Anspruch 1, wobei der Promotor ein CMV-Promotor ist.
3. Expressionssystem nach Anspruch 1 oder 2, wobei der Promotor Bestandteil einer transkriptionsregulierenden Einheit ist, die zusätzlich ein Intron, insbesondere Intron A, enthält.
4. Expressionssystem nach einem der Ansprüche 1 bis 3, wobei es sich bei dem Fc-Teil des Fusionsproteins um ein Fc-Fragment eines Immunglobulins G handelt.
5. Expressionssystem nach einem der Ansprüche 1 bis 4 enthaltend zusätzlich
 - d) mindestens eine Nukleinsäure für ein selektionierbares Markergen.
6. Expressionssystem nach einem der Ansprüche 1 bis 5 enthaltend zusätzlich mindestens eine Nukleinsäure für ein Polyadenylierungssignal.
7. Expressionssystem nach einem der Ansprüche 1 bis 6 enthaltend zusätzlich Ribosomen, Aminosäuren und/oder t-RNAs.
8. Expressionssystem nach einem der Ansprüche 1 bis 7, wobei das Expressionssystem nur eine Nukleinsäure umfasst.

9. Expressionssystem nach einem der Ansprüche 1 bis 8 enthaltend eine Nukleinsäure mit der Sequenz von SEQ ID Nr. 1, SEQ ID Nr. 2 oder SEQ ID Nr. 3 oder eine Nukleinsäure, die für ein Polypeptid der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert.
10. Nukleinsäure enthaltend die Bestandteile a) bis c) der Ansprüche 1 bis 4 und optional Bestandteil d) aus Anspruch 5.
11. Nukleinsäure enthaltend die Sequenz von SEQ ID Nr. 1, SEQ ID Nr. 2 oder 3 oder eine Nukleinsäure, die für ein Polypeptid der SEQ ID NR. 4 oder SEQ ID NR. 5 kodiert.
12. Wirtszelle enthaltend ein Expressionssystem gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9 oder eine Nukleinsäure gemäß Anspruch 10 oder 11.
13. Wirtszelle nach Anspruch 12, wobei es sich um eine Säugerzelle handelt.
14. Wirtszelle nach Anspruch 12 oder 13, wobei es sich um eine Zelle der Zelllinie CHO oder deren Derivate, insbesondere eine CHO-K1-Zelllinie, handelt.
15. Verfahren zur Herstellung eines IL-15/Fc-Fusionsproteins umfassend
- a. Bereitstellen einer Wirtszelle nach einem der Ansprüche 12 bis 14,
 - b. Kultivieren der Wirtszelle,
 - c. gegebenenfalls Selektionieren und
 - d. Isolieren des exprimierten IL-15/Fc-Fusionsproteins.
16. Verfahren nach Anspruch 15, wobei es sich bei der Wirtszelle um eine Säugerzelle, vorzugsweise um eine Zelle der Zelllinie CHO oder deren Derivate, besonders bevorzugt um eine CHO-K1-Zelllinie, handelt.

17. Verfahren nach Anspruch 15 oder 16, wobei das IL-15/Fc-Fusionsprotein in einer Menge von mindestens 10 pg/(Zelle x Tag), vorzugsweise in einer Menge mindestens 15 pg/(Zelle x Tag), hergestellt wird.
- 5 18. Verwendung eines Expressionssystems nach einem der Ansprüche 1 bis 9, einer Nukleinsäure nach Anspruch 10 oder 11 oder einer Wirtszelle nach einem der Ansprüche 12 bis 14 zur Herstellung eines IL-15-Fc-Fusionsproteins.
- 10 19. Verwendung eines CD5-Leaders zur Expression eines Proteins in CHO-Zellen und ihren Derivaten, insbesondere CHO-K1-Zellen.
20. Verwendung nach Anspruch 19, wobei die Expression des Proteins von einem CMV-Promotor, insbesondere in Kombination mit Intron A, reguliert wird.

14. April 2004

F. Hoffmann-La Roche AG

14. April 2004
C62387EP BÖ/ATE/smi

Zusammenfassung

5 Die Erfindung betrifft ein Expressionssystem enthaltend eine oder mehrere Nukleinsäure(n)
umfassend mindestens eine Nukleinsäure für ein Interleukin 15/Fc- (IL-15/Fc) -Fusionsprotein,
mindestens einen Promotor, mindestens eine Nukleinsäure für einen CD5-Leader und ggf.
mindestens eine Nukleinsäure für ein selektionierbares Markergen; eine Nukleinsäure
umfassend die Bestandteile des genannten Expressionssystems sowie eine Wirtszelle enthaltend
10 das Expressionssystem oder die Nukleinsäure. Weiterhin betrifft die Erfindung ein Verfahren
zur Herstellung eines IL-15/Fc-Fusionsproteins unter Verwendung des Expressionssystems
sowie die Verwendung des Expressionssystems, der Nukleinsäure, der Wirtszelle oder des
CD5-Leaders zur Expression in Wirtszellen.

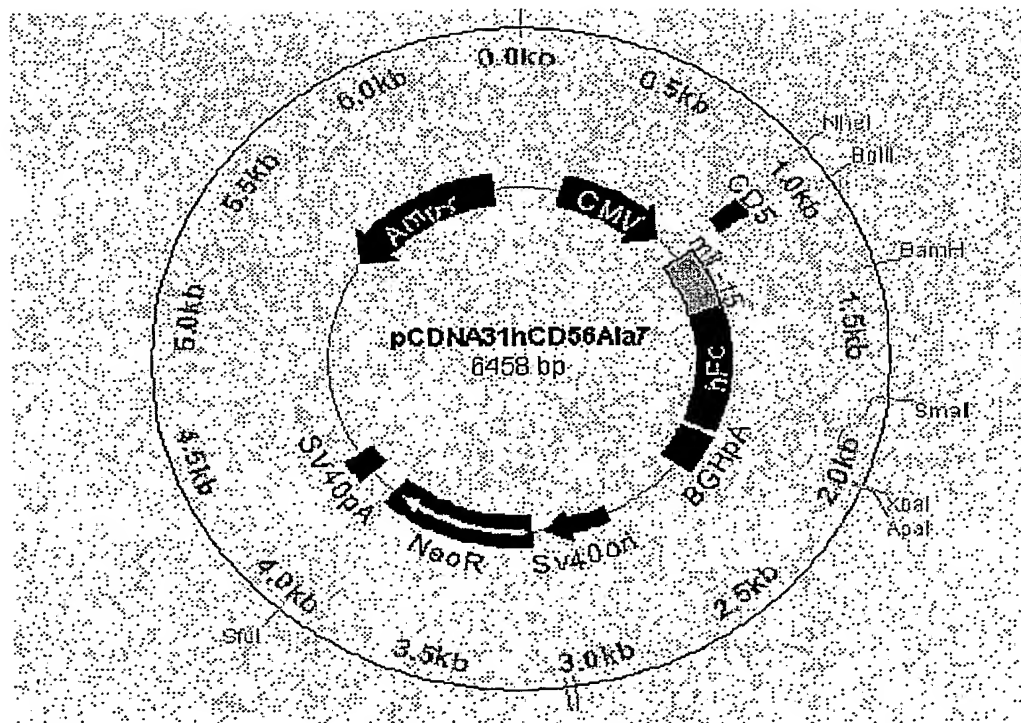


Fig. 1

gacggatcgg	gagatctccc	gatccctat	ggtgcactct	cagtacaatc	tgctctgatg	60
cgcgatagtt	aagccagtat	ctgctccctg	cttgtgtgtt	ggaggtcgct	gagtagtgcg	120
cgagcaaaat	taaagctaca	acaaggcaag	gcttgaccga	caattgcatg	aagaatctgc	180
ttagggttag	gcgtttttcg	ctgcttcgcg	atgtacgggc	cagatatacg	cgttgacatt	240
gattattgac	tagttattaa	tagtaataca	ttacggggtc	attagttcat	agcccatata	300
tggagtcccg	cgttacataa	cttacggtaa	atggcccgcg	tggctgaccg	cccaacgacc	360
cccggccatt	gacgtcaata	atgacgtatg	ttcccatagt	aacgccaata	gggactttcc	420
attgacgtca	atgggtggag	tatttacggg	aaactgcccc	cttggcagta	catcaagtgt	480
atcatatgcc	aagtacgccc	cctattgacg	tcaatgacgg	taaattggccc	gcctggcatt	540
atgcccagta	catgacctta	tgggactttc	ctacttggca	gtacatctac	gtattagtca	600
tcgctattac	catggtgatg	cggtttttgg	agtacatcaa	tgggcgtgga	tagcggtttg	660
actcacgggg	atttccaagt	ctccacccca	ttgacgtcaa	tgggagtttg	ttttggcacc	720
aaaaatcaacg	ggactttcca	aaatgtcgta	acaactccgc	cccatgacg	caaattggcg	780
gtaggcggtg	acggtgggag	gtctatataa	gcagagctct	ctggctaact	agagaaccca	840
ctgcttactg	gcttatcgaa	attaatacga	ctcactatag	ggagacccaa	gctggctagc	900
caccatgccc	atggggtctc	tgcaaccgct	ggccaccttg	tacctgctgg	ggatgctggt	960
cgcttcctgc	ctcgaaact	gggtgaatgt	aataagtgt	ttgaaaaaaa	ttgaagatct	1020
tattcaatct	atgcatattg	atgctacttt	atatacggaa	agtgatgttc	acccagttg	1080
caaagtaaca	gcaatgaagt	gctttctctt	ggagttacaa	gttatttcac	ttgagtcgg	1140
agatgcaagt	attcatgata	cagtagaaaa	tctgatcatc	ctagcaaaaca	acagtttgtc	1200
ttctaattggg	aattgtaacag	aactctggatg	caaagaatgt	gaggaactgg	aggaaaaaaa	1260
tattaaagaa	tttttggaca	gtttttgtaca	tattgtcgac	atgttcatca	acacttcgga	1320
tcccaaatct	gttgacaaaa	ctcacacatg	cccacggtgc	ccagcacctg	aactcctggg	1380
gggacgctca	gtcttctctt	tcccccaaaa	acccaaggac	accctcatga	tctcccgga	1440
ccctgaggtc	acgtgctggg	tgggtggacgt	gagccacgaa	gacctgagg	tcaagttcaa	1500
ctggtacgtg	gacggcggtg	agggtgcataa	tgccaagaca	aagccgctgg	aggagcagta	1560
caacagcacg	tacggtgtgg	tcagcgtcct	caccgtcctg	caccaggact	gctggaatgg	1620
caaggagtac	aagtgcagg	tctccaacaa	agccctccca	gccccatcg	agaaaacccat	1680
ctccaaagcc	aaagggcagc	cccgaagacc	acaggtgtac	accctgcccc	catcccggga	1740
tgagctgacc	aagaaccagg	tcagcctgac	ctgctgtgtc	aaaggcttct	atcccagcga	1800
catcgccgtg	gagtgaggga	gcaatgggca	gccggagaa	aactacaaga	ccacgcctcc	1860
cgtgctggac	tccgacggct	ccttcttctt	ctacagcaag	ctcaccgtgg	acaagagcag	1920
gtggcagcag	gggaacgtct	tctcatgctc	cgtgatgcac	gaggctctgc	acaaccacta	1980
cacgcagaag	agcctctccc	tgtctccggg	taaatgatct	agaggggccc	tttaaaccgg	2040
ctgatcagcc	tgcactgtgc	cttctagtgt	ccagccatct	gttgtttgcc	cctcccccg	2100
gccttccttg	accctggaag	gtgccactcc	cactgtcctt	tcctaataaa	atgaggaaat	2160
tgcacgcgat	tgtctgagta	ggtgtcattc	tattctgggg	ggtgggggtg	ggcaggacag	2220
caagggggag	gattgggaag	acaatagcag	gcacgtctgg	gatgcggtgg	gctctatggc	2280
ttctgaggcg	gaaagaacca	gctggggctc	tagggggtat	ccccacgcgc	cctgtagcgg	2340
cgcattaaagc	gcggcgggtg	tggttggttac	gcgcagcgtg	accgctacac	ttgccagcgc	2400
cctagcgccc	gctcctttcg	cttcttctcc	ttcctttctc	gccacgttcg	ccggctttcc	2460
ccgtcaagct	ctaaatcggg	ggctcccttt	aggggtccga	tttagtgctt	tacggcacct	2520
cgaccccaaaa	aaacttgatt	aggggtgatg	ttcacgtagt	gggccaatcg	cctgatagac	2580
ggtttttctgc	cctttgacgt	tggagtccac	gttctttaat	agtggactct	tgttccaaac	2640
tggaaacaaca	ctcaacccta	tctcgggtcta	ttcttttgat	ttataaggga	ttttgccgat	2700
ttcggcctat	tgggttaaaaa	atgagctgat	ttaaacaaaa	tttaacgcga	attaattctg	2760
tggaaatgtgt	gtcagttagg	gtgtggaaag	tccccaggct	ccccagcagg	cagaagtatg	2820
caaagcatgc	atctcaatta	gtcagcaacc	agggtgtggaa	agtccccagg	ctccccagca	2880
ggcagaagta	tgcaaaagcat	gcatctcaat	tagtcagcaa	ccatagtccc	gcccctaact	2940
ccgcccattcc	cgccccctaac	tccgcccagt	tccgcccatt	ctccgcccc	tggttgacta	3000
atttttttta	tttatgcaga	ggccgaggcc	gcctctgcct	ctgagctatt	ccagaagtag	3060
tgaggaggct	tttttggagg	cctaggcttt	tgcaaaaagc	tcccgggagc	ttgtatatcc	3120
attttcggat	ctgatcaaga	gacaggatga	ggatcggttc	gcatgattga	acaagatgga	3180
ttgcacgcag	gttctccggc	cgcttgggtg	gagaggctat	tcggctatga	ctgggcacaa	3240
cagacaatcg	gctgctctga	tgccgcgctg	ttccggctgt	cagcgcaggg	gcgcccgggt	3300
cttttttgtca	agaccgacct	gtccgggtgcc	ctgaatgaac	tgccaggacga	ggcagcgcgg	3360
ctatcgtggc	tggccacgac	gggcgttctt	tgccagctg	tgctcgacgt	tgtcactgaa	3420
gcgggaaggg	actggctgct	attggggcga	gtgccggggc	aggatctcct	gtcatctcac	3480
cttgctcctg	ccgagaaagt	atccatcatg	gctgatgcaa	tgccggcgct	gcatacgctt	3540
gatccggcta	cctgcccatt	cgaccaccaa	gcgaacacac	gcatcgagcg	agcacgtact	3600
cggatggaag	ccggtcttgt	cgatcaggat	gatctggacg	aagagcatca	ggggctcgcg	3660
ccagccgaac	tgctcgccag	gctcaaggcg	cgcagtcgcc	acggcgagga	tctcgtcgtg	3720
accatggcg	atgcctgctt	gccgaatatc	atggtggaaa	atggccgctt	ttctggattc	3780

Fig. 2

atcgactgtg	gccggctggg	tgtggcggac	cgctatcagg	acatagcggt	ggctaccggt	3840
gatattgctg	aagagcttgg	cggcgaatgg	gctgaccgct	tcctcgtgct	ttacgggtatc	3900
gccgtcccg	attcgagcg	catcgcttc	tatcgcttc	ttgacgagtt	cttctgagcg	3960
ggactctggg	gttcgaaaatg	accgaccaag	cgacgcccac	cctgccatca	cgagatttctg	4020
attccaccgc	cgcttcttat	gaaagggttg	gcttcggaat	cgttttccgg	gacgcccggct	4080
ggatgatcct	ccagcgcggg	gatctcatgc	tggagtttct	cgcccacccc	aacttgttta	4140
ttgcagctta	taatgggttac	aaataaagca	atagcatcac	aaatttcaca	aataaagcat	4200
ttttttcact	gcattctagt	tgtgggttgt	ccaaactcat	caatgtatct	tatcatgtct	4260
gtataccgtc	gacctctagc	tagagcttgg	cgtaatcatg	gtcatagctg	tttcctgtgt	4320
gaaattgtta	tccgctcaca	attccacaca	acatacgagc	cggaagcata	aagtgtaaag	4380
cctgggggtgc	ctaattgagt	agctaactca	cattaattgc	gttgcgctca	ctgcccgtct	4440
tccagtcggg	aaacctgtcg	tgccagctgc	attaatgaat	cggccaacgc	gcggggagag	4500
goggttttgcg	tattggggcg	tcttccgctt	cctcgctcac	tgactcgctg	cgctcggtcg	4560
ttcggtctg	gogagcggt	tcagctcact	caaaaggcgt	aatacgggtta	tccacagaat	4620
caggggataa	cgcaggaaag	aacatgtgag	caaaaaggcc	gcataagggc	aggaaccgta	4680
aaaaggccgc	gttgctggcg	tttttccata	ggctccgccc	ccctgacgag	catcacaaaa	4740
atcgacgctc	aagtcagagg	tgccgaaaacc	cgacaggact	ataaagatac	caggcggttc	4800
cccctggaag	ctccctcgct	cgcctcctct	ttccgacct	gccgcttacc	ggatacctgt	4860
ccgcctttct	cccttcggga	agcgtggcgc	tttctcatag	ctcacgctgt	aggtatctca	4920
ggtcggtgta	ggtcggtcgc	tccaagctgg	gctgtgtgca	cgaaccccc	gttcagcccg	4980
accgctgcgc	cttatccggt	aactatcgtc	ttgagtccaa	cccggttaaga	cacgacttat	5040
cgccactggc	agcagccact	ggtaacagga	ttagcagagc	gaggtatgta	ggcggtgcta	5100
cagagttctt	gaagtgggtg	cctaactacg	gctacactag	aagaacagta	tttggtatct	5160
gcgctctgct	gaagccagtt	accttcggaa	aaagagttgg	tagctcttga	tccggcaaac	5220
aaaccaccgc	tggtagcggt	ggtttttttg	tttgcaagca	gcagattacg	cgcagaaaaa	5280
aaggatctca	agaagatcct	ttgatctttt	ctacgggggc	tgacgctcag	tggaaacgaa	5340
actcacgtta	agggattttg	gtcatgagat	tatcaaaaag	gatcttcacc	tagatccttt	5400
taaatataaa	atgaagtttt	aaatcaatct	aaagtatata	tgagtaaact	tgggtctgaca	5460
gttaccatg	cttaatcagt	gagggaccta	tctcagcgat	ctgtctatct	cgttcaccca	5520
tagttgcctg	actccccgct	gtgtagataa	ctacgatacg	ggagggctta	ccatctggcc	5580
ccagtgtgct	aatgataccg	cgagacccac	gctcaccggc	tccagattta	tcagcaataa	5640
accagccagc	cggaaaggcc	gagcgcagaa	gtggctcctgc	aactttatcc	gcctccatcc	5700
agtctattaa	ttgttgccgg	gaagctagag	taagtgttcc	gccagttaat	agtttgccga	5760
acgttggtgc	cattgctaca	ggcatcggtg	tgtcacgctc	gtcgtttggg	atgggttcat	5820
tcagctccgg	ttcccaacga	tcaaggcgag	ttacatgatc	ccccatggtg	tgcaaaaaag	5880
cgggttagctc	cttcggtcct	ccgatcgttg	tcagaagtaa	gttggccgca	gtgttatcac	5940
tcattggttat	ggcagcactg	cataattctc	ttactgtcat	gccatccgta	agatgctttt	6000
ctgtgactgg	tgagtactca	accaagtcct	tctgagaata	gtgtatgcgg	cgaccgagtt	6060
gctottgccc	ggcgtcaata	cgggataata	ccgcgccaca	tagcagaact	ttaaaagtgc	6120
tcattcattgg	aaaacgttct	tccggggcgaa	aactctcaag	gatcttaccg	ctgttgagat	6180
ccagttcgat	gtaaccact	cgtgcaccca	actgatcttc	agcatctttt	actttcacca	6240
gcgtttctgg	gtgagcaaaa	acagggaaggc	aaaatgccgc	aaaaaaggga	ataagggcga	6300
cacggaaaatg	ttgaatactc	atactcttcc	tttttcaata	ttattgaagc	atttatcagg	6360
gttattgtct	catgagcgga	tacatatttg	aatgtattta	gaaaaataaa	caaatagggg	6420
ttccgcgcac	atttcccga	aaagtccac	ctgacgtc			6458

Fig. 3

gacggatcgg	gagatctccc	gatccccat	ggtgcactct	cagtacaatc	tgctctgatg	60
ccgcatagtt	aagccagtat	ctgctccctg	cttgtgtgtt	ggaggtcgct	gagtagtgcg	120
cgagcaaaat	ttaagctaca	acaaggcaag	gcttgaccga	caattgcatg	aagaatctgc	180
ttagggttag	gcgtttttcg	ctgcttcgta	agctgcaata	aacaatcatt	atthttcattg	240
gatctgtgtg	ttgggttttt	gtgtgggctt	gggggagggg	gaggccagaa	tgactccaag	300
agctacagga	aggcagggtca	gagaccccac	tggacaaaca	gtggctggac	tctgcaccat	360
aacacacaat	caacaggggga	gtgagctgga	tcgagctaga	gtccgttaca	taacttacgg	420
taaatggccc	gcctggctga	ccgcccacg	acccccgccc	attgacgtca	ataatgacgt	480
atgtttcccat	agtaacgcca	atagggactt	tccattgacg	tcaatgggtg	gagtagttac	540
ggtaaaactgc	ccacttggca	gtacatcaag	tgtatcatat	gccaagtacg	ccccctattg	600
acgtcaatga	cggtaaatgg	cccgcctggc	attatgcccc	gtacatgacc	ttatgggact	660
ttcctacttg	gcagtacatc	tacgtattag	tcatcgctat	taccatgggtg	atgcgggtttt	720
ggcagtagcat	caatgggctg	ggatagcggg	ttgactcacg	gggattttcca	agtctccacc	780
ccattgacgt	caatgggagt	ttgttttggc	acccaaatca	acgggacttt	ccaaaatgtc	840
gtaacaactc	cgccccattg	acgcaaatgg	gcggtaggcg	tgtacgggtg	gaggtctata	900
taagcagagc	tcgttttagt	aacgtcaga	tcgcctggag	acgccatcca	cgctgtttttg	960
acctccatag	aagacaccgg	gaccgatcca	gcctccggcg	ccgggaacgg	tgcatatggaa	1020
cgcggtattcc	ccgtgccaag	agtgcagtaa	gtacgcctta	tagagtctat	aggcccaccc	1080
ccttggcttc	ttatgcatgc	tatactgttt	ttggcttggg	gtctatacac	ccccgcttc	1140
tcattgttata	ggtgatggta	tagcttagcc	tataggtgtg	ggttattgac	cattattgac	1200
cactcccccta	ttggtgacga	tactttccat	tactaatcca	taacatggct	ctttgccaca	1260
actctcttta	ttggtctatat	gccaaatacac	tgtccttcag	agactgacac	ggactctgta	1320
ttttttacagg	atgggggtctc	atthattatt	tacaaattca	catatgacac	accacgctcc	1380
ccagtgcgccg	cagtttttat	taaacataac	gtgggatctc	cacgcgaatc	tcgggtacgt	1440
gttccggaca	tgggtctcttc	tccggtagcg	gcggagcttc	tacatccgag	ccctgctccc	1500
atgcctccag	cgactcatgg	tcgctcggca	gctccttgc	cctaacagtg	gaggccagac	1560
ttaggcacag	cacgatgcgc	accaccacca	gtgtgcccga	caaggccgtg	gcggtagggt	1620
atgtgtctga	aaatgagctc	ggggagcggg	cttgaccgcg	tgacgcattt	ggaagactta	1680
aggcagcggc	agaagaagat	gcaggcagct	gagttgttgt	gttctgataa	gagtcagagg	1740
taactccctg	tgcggtgctg	ttaacgggtg	agggcagtg	agtctgagca	gtactcgttg	1800
ctgcgcgcg	cgccaccaga	cataatagct	gcagactaa	cagactgttc	ctttccatgg	1860
gtctttttctg	cagtcacccg	ggggatcctt	cgaacgtagc	tctagccacc	atgcccctgg	1920
gggtctctgca	accgctggcc	acottgtacc	tgtcggggat	gctggctcgt	tcctgcctcg	1980
gaaactgggt	gaatgtaata	agtgtttga	aaaaaattga	agatcttatt	caatctatgc	2040
atatgtgatgc	tactttatat	acggaaagtg	atgttcaccc	cagttgcaaa	gtaacagcaa	2100
tgaagtgcct	tctcttggag	ttacaagtta	tttcacttga	gtccggagat	gcaagtattc	2160
atgatacagt	agaaaatctg	atcatcctag	caaacaacag	tttgccttct	aatgggaatg	2220
taacagaatc	tggatgcaaa	gaatgtgagg	aactggagga	aaaaaatatt	aaagaatttt	2280
tggacagttt	tgtagcatatt	gtcgacatgt	tcataacac	ttcggatccc	aaatctgctg	2340
acaaaactca	cacatgcccc	ccgtgcccag	cacctgaact	cctgggggga	ccgtcagttc	2400
tcctcttccc	cccataaccc	aaggacaccc	tcattgatctc	ccggacccct	gaggtcacgt	2460
gcgtgggtgg	ggcgtgagc	cacgaagacc	ctgagggtcaa	gttcaactgg	tacgtggacg	2520
gcgtggaggt	gcataatgcc	aagacaaagc	gcggggagga	gcagtacaac	agcacgtacc	2580
gtgtgggtcag	cgtcctcacc	gtcctgcacc	aggactggct	gaatggcaag	gagtacaagt	2640
gcaagggtctc	caacaaagcc	ctcccagccc	ccatcgagaa	aaccatctcc	aaagccaaag	2700
ggcagccccc	agaaccacag	gtgtacaccc	tgcccccatc	ccgggatgag	ctgaccaaga	2760
accaggtcag	cctgacctgc	ctgggtcaaa	gcttctatcc	cagcgacatc	gccgtggagt	2820
gggagagcaa	tgggcagccg	gagaacaact	acaagaccac	gcctcccgtg	ctggactccg	2880
acggctcctt	cttccctctac	agcaagctca	ccgtggacaa	gagcaggtgg	cagcaggggga	2940
acgtcttctc	atgctccgtg	atgcatgagg	ctctgcacaa	ccactacacg	cagaagagcc	3000
tctccctgtc	tccgggtaaa	tgatctagag	ggcccgttta	aaaccgctga	tcagcctcga	3060
ctgtgccttc	tagttgccag	ccatctgttg	tttgcctctc	ccccgtgcct	tccttgaccc	3120
tggaaagtgc	cactcccact	gtcctttctc	aataaaatga	ggaaattgca	tcgcattgtc	3180
tgagtagggt	tcattctatt	ctgggggggtg	gggtggggga	ggacagcaag	ggggaggatt	3240
gggaagacaa	tagcaggcat	gctggggatg	cggtgggctc	tatggcttct	gaggcggaaa	3300
gaaccagctg	gggtcttagg	gggtatcccc	acgcgccctg	tagcggcgca	ttaagcgctg	3360
cgggtgtggg	ggttacgcgc	agcgtgaccg	ctcacattgc	cagcgcctta	gcgcccgtc	3420
ctttcgcttt	cttcccttcc	tttctcgcca	cgttcgcggg	ctttccccgt	caagctctaa	3480
atcgggggct	cccttttaggg	ttccgattta	gtgctttacg	gcacctcgac	cccaaaaaac	3540
ttgattaggg	tgatgggttca	cgtagtgggc	catcgccctg	atagacgggt	tttcgcctct	3600
tgacgttgga	gtccacgttc	tttaaatagtg	gactcttggt	ccaaactgga	acaacactca	3660
accctatctc	ggtctattct	tttgatttat	aagggattht	gccgatttgc	gcctattgggt	3720
taaaaaatga	gctgatttaa	caaaaaattta	acgcgaatta	attctgtgga	atgtgtgtca	3780

Fig. 5

gttaggggtgt	ggaaagtccc	caggctcccc	agcaggcaga	agtatgcaaa	gcattgcatct	3840
caatttagtca	gcaaccaggt	gtggaaaagtc	cccaggctcc	ccagcaggca	gaagtattgca	3900
aagcatgcat	ctcaattagt	cagcaaccat	agtcccgcgc	ctaactccgc	ccatcccgc	3960
cctaactccg	cccagttccg	cccattctcc	gccccatggc	tgactaat	tttttattta	4020
tgagaggcc	gaggccgcct	ctgcctctga	gctattccag	aagtagtgag	gaggcttttt	4080
tgagggccta	ggctttttgca	aaaagctccc	gggagcttgt	atatccattt	tggatctga	4140
tcaagagaca	ggatgaggat	cgtttcgcat	gattgaacaa	gatggattgc	acgcaggttc	4200
tccggccgct	tggttgaggga	ggctattcgg	ctatgactgg	gcacaacaga	caatcggtcg	4260
ctctgatgcc	gccgtgttcc	ggctgtcagc	gcagggggcg	ccggttcttt	ttgtcaagac	4320
cgacctgtcc	gggtcccctga	atgaactgca	ggacgaggca	gcgcggctat	cgtggctggc	4380
cacgacgggc	gttccttgcg	cagctgtgct	cgacgttctc	actgaagcgg	gaagggactg	4440
gctgctattg	ggcgaagtgc	cggggcagga	tctcctgtca	tctcaccttg	ctcctgcca	4500
gaaagtatcc	atcatggctg	atgcaatgcg	cggtctgcat	acgttgatc	cggctacctg	4560
cccattcgac	caccaagcga	aacatcgcat	agcgcagca	cgtactcgga	tggaagccgg	4620
tcttgctgat	caggatgatc	tggaagcaga	gcacgagggg	ctcgcgccag	ccgaactgtt	4680
cgccaggctc	aaggcgcgca	tgcccagcgg	cgaggatctc	gtcgtgacct	atggcgatgc	4740
ctgcttgccg	aatatcatgg	tggaatgtgg	ccgcttttct	ggattcatcg	actgtggccg	4800
gctgggtgtg	gcggaccgct	atcaggacat	agcgttggct	accgtgata	ttgtggaaga	4860
gcttgggcgc	gaatgggctg	accgcttctc	cgtgctttac	ggatcgccg	ctcccgatte	4920
gcagcgcac	gccttctatc	gccttcttga	cgagtctctc	tgagcgggac	tctggggttc	4980
gaaatgaccg	accaagcgac	gccccaacctg	ccatcacgag	atttcgattc	caccgcgcc	5040
ttctatgaaa	ggttgggctt	cggaatcggt	ttccgggacg	ccggctggat	gatcctccag	5100
cgccgggcatc	tcatgctgga	gttcttcgcc	caccccaact	tgtttattgc	agcttataat	5160
ggttacaaat	aaagcaatag	catcacaaat	ttcacaataa	aagcattttt	ttactgcat	5220
tctagtgtgt	gtttgtccaa	actcatcaat	gtatcttctc	atgtctgtat	accgtcgacc	5280
tctagctaga	gcttggcgta	atcatgggtc	tagctgtttc	ctgtgtgaaa	ttgttatccg	5340
ctcacaaatc	cacacaacat	acgagccgga	agcataaagt	gtaaaagcctg	gggtgcctaa	5400
tgagttagct	aactcacatt	aattgcgttg	cgctcactgc	ccgctttcca	gtcgggaaac	5460
ctgtcgtgcc	agctgcatta	atgaatcggc	caacgcgcgg	ggagaggcgg	tttgcgtatt	5520
gggcgctctt	ccgcttctct	gctcactgac	tcgctgcgct	cggtcgttcg	gctgcggcga	5580
gcggtatcag	ctcactcaaa	ggcggtaata	cggttatcca	cagaatcagg	ggataacgca	5640
ggaaagaaca	tgtgagcaaa	aggccagcaa	aaggccagga	accgtaaaaa	ggccgcggtt	5700
ctggcggtttt	tccataggct	ccgccccctc	gacgagcatc	acaaaaatcg	acgctcaagt	5760
cagaggtggc	gaaacccgac	aggactataa	agataccagg	cgtttcccc	tggaagctcc	5820
ctcgtgcgct	ctcctgttcc	gaccctgcgc	cttaccggat	acctgtccgc	ctttctcct	5880
tcgggaagcg	tggcgcttcc	tcatagctca	cgctgtagg	atctcagttc	ggtgtaggtc	5940
gttcgctcca	agctgggctg	tgtgcacgaa	cccccgcttc	agcccgaccg	ctgcgcctta	6000
tccggtaact	atcgtcttga	gtccaaccgc	gtaagacacg	acttatcgcc	actggcagca	6060
gccactggta	acaggattag	cagagcgagg	tatgtaggcg	gtgtacaga	gttcttgaag	6120
tggtggccta	actacggcta	cactagaaga	acagtatttg	gtatctgcgc	tctgtgaag	6180
ccagttacct	tcggaaaaag	agttggtagc	tcttgatccg	gcaaaacaa	caccgctggt	6240
agcgggtggt	tttttggttg	caagcagcag	attacgcgca	gaaaaaaaag	atctcaagaa	6300
gatcctttga	tcttttctac	ggggtctgac	gctcagtggg	acgaaaactc	acgttaaggg	6360
attttggta	tgagattatc	aaaaaggatc	ttcacctaga	tcctttttaa	ttaaaaatga	6420
agttttaaat	caatctaaag	tatatatgag	taaaacttgg	ctgacagtta	ccaatgctta	6480
atcagttagg	cacctatctc	agcgtatctg	ctatttctgt	catccatagt	tgccctgactc	6540
cccgtcgtgt	agataactac	gatacgggag	ggcttaccat	ctggccccag	tgctgcaatg	6600
ataccgcgag	acccacgctc	accggctcca	gatttatcag	caataaacca	gccagccgga	6660
agggccgagc	gcagaagtgg	tcctgcgaact	ttatccgcct	ccatccagtc	tattaatgtg	6720
tgccgggaag	ctagagtaag	tagttcgcca	gttaatagtt	tgccgaacgt	tggtgcaatt	6780
gctacaggca	tcgtgggtgc	acgctcgctc	tttggtatgg	cttcatccag	ctccgggttc	6840
caacgatcaa	ggcgagttac	atgatcccc	atggtgtgca	aaaaagcggt	tagctccttc	6900
ggctcctcca	tcgttgcagc	aagtaagtgg	gccgcagtgt	tatcactcat	ggttatggca	6960
gcaactgcata	attctcttac	tgtcatgcca	tccgtaagat	gcttttctgt	gactgggtgag	7020
tactcaacca	agtcattctg	agaatagtgt	atgcggcgac	cgagttgctc	ttgcccggcg	7080
tcaatacggg	ataataccgc	gccacatagc	agaactttaa	aagtgtcat	cattggaaaa	7140
cgttcttcgg	ggcgaaaact	ctcaaggatc	ttaccgctgt	tgagatccag	ttcgatgtaa	7200
cccactcgtg	cacccaactg	atcttcagca	tcttttactt	tcaccagcgt	ttctgggtga	7260
gcaaaaaacag	gaaggcaaaa	tgccgcaaaa	aagggataaa	ggcgacacg	gaaatgttga	7320
atactcatac	tcttcctttt	tcaatattat	tgaagcattt	atcagggtta	ttgtctcatg	7380
agcggatata	tatttgaatg	tatttagaaa	aataaacaaa	taggggttcc	gcgcacattt	7440
ccccgaaaag	tgccacctga	cgtc				7464

Fig. 6

A

atgcccatgg	ggtctctgca	accgctggcc	accttgtacc	tgtctggggat	gctgggtcgct	60
tcctgcctcg	gaaactgggt	gaatgtaata	agtgatttga	aaaaaattga	agatcttatt	120
caatctatgc	atattgatgc	tactttatat	acggaaagtg	atgttcaccc	cagttgcaaa	180
gtaacagcaa	tgaagtgcct	tctcttggag	ttacaagtta	tttcacttga	gtccggagat	240
gcaagtattc	atgatacagt	agaaaatctg	atcatcctag	caaacaacag	tttgtcttct	300
aatgggaatg	taacagaatc	tggatgcaaa	gaatgtgagg	aactggagga	aaaaaatatt	360
aaagaatttt	tggacagttt	tgtacatatt	gtcgacatgt	tcatacaacac	ttcggatccc	420
aaatctgctg	acaaaactca	cacatgcccc	ccgtgcccag	cacctgaact	cctgggggga	480
ccgtcagttc	tcctcttccc	cccaaaaccc	aaggacaccc	tcatagatctc	ccggaccocc	540
gaggtcacgt	gcgtgggtgt	ggacgtgagc	cacgaagacc	ctgaggtcaa	ggtcaactgg	600
tacgtggacg	gcgtggaggt	gcataatgcc	aagacaaagc	cgcgaggagga	gcagtacaac	660
agcacgtacc	gtgtgggtcag	cgctcctcacc	gtcctgcacc	aggactggct	gaatggcaag	720
gagtacaagt	gcaagggtctc	caacaaagcc	ctcccagccc	ccatcgagaa	aaccatctcc	780
aaagccaaag	ggcagccccc	agaaccacag	gtgtacaccc	tgcccccatc	ccgggatgag	840
ctgaccaaga	accaggtcag	cctgacctgc	ctggtcaaaag	gcttctatcc	cagcgacatc	900
gccgtggagt	gggagagcaa	tgggcagccg	gagaacaact	acaagaccac	gcctcccgtg	960
ctggactccg	acggctcctt	cttcctctac	agcaagctca	ccgtggacaa	gagcaggtgg	1020
cagcagggga	acgtcttctc	atgctccgtg	atgcatgagg	ctctgcacaa	ccactacacg	1080
cagaagagcc	tctccctgtc	tccgggtaaa	tga			1113

B

MPMGSLQPLA	TLYLLGMLVA	SCLGNWVNV	SDLKKIEDLI	QSMHIDATLY	TESDVHPSCK	60
VTAMKCFLE	LQVISLES	ASIHDIVEN	IILANNSLSS	NGNVTESGCK	ECEELEEKNI	120
KEFLDSFVHI	VDMFINTSDP	KSADKTHTCP	PCPAPELLGG	PSVFLFPPKP	KDTLMISRTP	180
EVTCVVVDVS	HEDPEVKFNW	YVDGVEVHNA	KTKPREEQYN	STYRVVSVLT	VLHQDWLNGK	240
EYKCKVSNKA	LPAPIEKTIS	KAKGQPREPQ	VYTLPPSRDE	LTKNQVSLTC	LVKGFYPSDI	300
AVEWESNGQP	ENNYKTTPPV	LDSDGSFFLY	SKLTVDKSRW	QQGNVFSCSV	MHEALHNHYT	360
QKSLSLSPGK						370

C

MPMGSLQPLA	TLYLLGMLVA	SCLGNWVNV	SDLKKIEDLI	QSMHIDATLY	TESDVHPSCK	60
VTAMKCFLE	LQVISLES	ASIHDIVEN	IILANNSLSS	NGNVTESGCK	ECEELEEKNI	120
KEFLDSFVHI	VDMFINTSDP	RGPTIKPCPP	CKCPAPNLLG	GPSVFIFPPK	IKDVLMSLS	180
PIVTCVVVDV	SEDDPDVQIS	WVFNNEVHT	AQTQTHREDY	NSTLRVVSAL	PIQHQDWMSG	240
KEFKCKVNNK	DLPAPIERTI	SKPKGSVRAP	QVYVLPPEE	EMTKKQVILT	CMVTDMPED	300
IYVEWTNNGK	TLENYKNTPE	VLDSDGSYFM	YSKLRVEKKN	WVERNSYSCS	VVHEGLHNHH	360
TTKSFSTRPG	K					371

Fig. 7

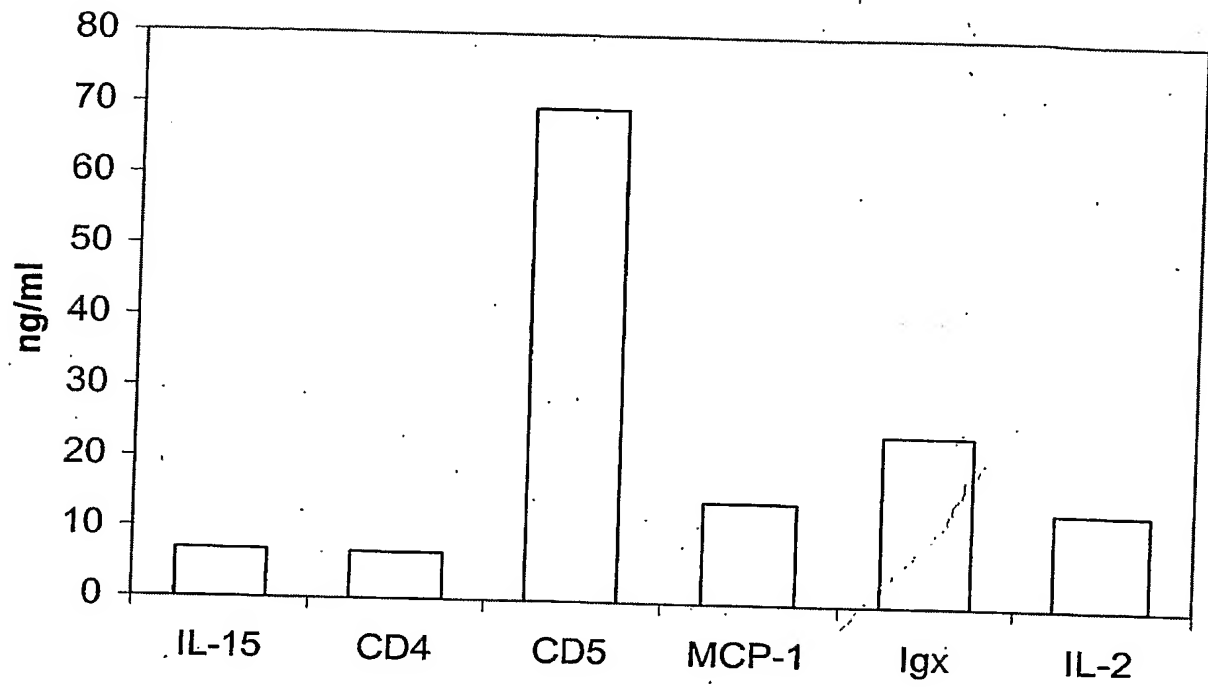


Fig. 8

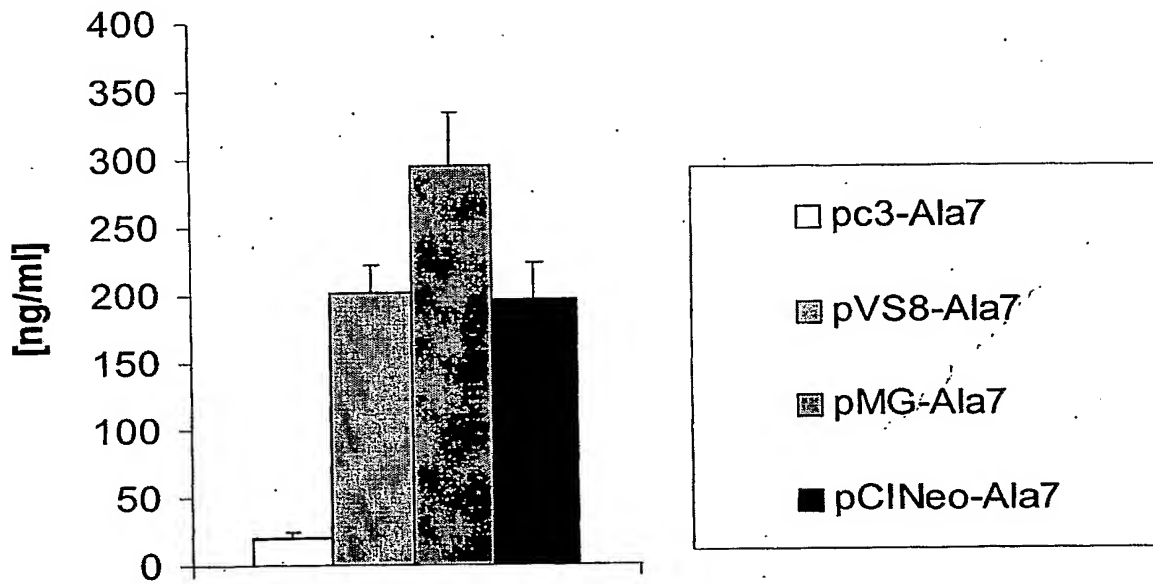


Fig. 9

14. April 2004

C62387.ST25.txt
SEQUENCE LISTING

<110> F. Hoffmann-La Roche AG

<120> Expressionssystem zur Herstellung von IL-15/Fc-Fusionsproteinen und ihre Verwendung

<130> C62387EP

<160> 5

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 6458

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Plasmid pCDNA3.1hCD5.6A1a7

<400> 1
gacggatcgg gagatctccc gatccctat ggtgcactct cagtacaatc tgctctgatg 60
ccgcatagtt aagccagtat ctgctccctg cttgtgtgtt ggaggtcgct gagtagtgcg 120
cgagcaaaat ttaagctaca acaaggcaag gcttgaccga caattgcatg aagaatctgc 180
ttagggttag gcgttttgcg ctgcttcgag atgtacgggc cagatatagc cgttgacatt 240
gattattgac tagttattaa tagtaatcaa ttacgggggtc attagttcat agcccatata 300
tggagttccg cgttacataa cttacggtaa atggcccgcg tggctgaccg cccaacgacc 360
cccgcgccatt gacgtcaata atgacgtatg ttcccatagt aacgccaata gggactttcc 420
attgacgtca atgggtggag tatttacggt aaactgcca cttggcagta catcaagtgt 480
atcatatgcc aagtacgccc cctattgacg tcaatgacgg taaatggccc gcctggcatt 540
atgccagta catgacctta tgggactttc ctacttggca gtacatctac gtattagtca 600
tcgctattac catggtgatg cggttttggc agtacatcaa tgggcgtgga tagcggtttg 660
actcacgggg atttccaagt ctccaccca ttgacgtcaa tgggagtttg ttttggcacc 720
aaaatcaacg ggactttcca aaatgtcgta acaactccgc ccattgacg caaatgggcg 780
gtaggcgtgt acggtgggag gtctatataa gcagagctct ctggctaact agagaacca 840

C62387.ST25.txt

ctgcttactg gcttatcgaa attaatacga ctcactatag ggagacccaa gctggctagc	900
caccatgccc atgggggtctc tgcaaccgct ggccaccttg tacctgctgg ggatgctggt	960
cgcttcctgc ctcggaaact ggggtgaatgt aataagtgt ttgaaaaaaa ttgaagatct	1020
tattcaatct atgcatattg atgctacttt atatacggaa agtgatgttc accccagttg	1080
caaagtaaca gcaatgaagt gctttctctt ggagttacaa gttatttcac ttgagtccgg	1140
agatgcaagt attcatgata cagtagaaaa tctgatcatc ctagcaaaca acagtttgct	1200
ttctaattggg aatgtaacag aatctggatg caaagaatgt gaggaactgg aggaaaaaaa	1260
tattaaagaa tttttggaca gttttgtaca tattgtcgac atgttcatca acacttcgga	1320
tcccaaactc gctgacaaaa ctcacacatg cccaccgtgc ccagcacctg aactcctggg	1380
gggaccgtca gtcttcctct tcccccaaa acccaaggac accctcatga tctcccgga	1440
ccctgaggtc acgtgcgtgg tgggtggacgt gagccacgaa gaccctgagg tcaagttcaa	1500
ctggtacgtg gacggcgtgg aggtgcataa tgccaagaca aagccgcggg aggagcagta	1560
caacagcacg taccgtgtgg tcagcgtcct caccgtcctg caccaggact ggctgaatgg	1620
caaggagtac aagtgcaagg tctccaacaa agccctcca gccccatcg agaaaaccat	1680
ctccaaagcc aaagggcagc cccgagaacc acagggtgtac accctgcccc catcccgga	1740
tgagctgacc aagaaccagg tcagcctgac ctgcctggtc aaaggcttct atcccagcga	1800
catcgccgtg gagtgggaga gcaatgggca gccggagAAC aactacaaga ccacgcctcc	1860
cgtgctggac tccgacggct ccttcttctc ctacagcaag ctcaccgtgg acaagagcag	1920
gtggcagcag gggaacgtct tctcatgctc cgtgatgcat gaggctctgc acaaccacta	1980
cacgcagaag agcctctccc tgtctccggg taaatgatct agagggcccc tttaaaccgg	2040
ctgatcagcc tcgactgtgc cttctagtgt ccagccatct gttgtttgcc cctccccgt	2100
gccttccttg accctggaag gtgccactcc cactgtcctt tcctaataaa atgaggaaat	2160
tgcatcgcat tgtctgagta ggtgtcattc tattctgggg ggtgggggtgg ggcaggacag	2220
caagggggag gattgggaag acaatagcag gcatgctggg gatgcgggtg gctctatggc	2280
ttctgaggcg gaaagaacca gctggggctc taggggggtat cccacgcgc cctgtagcgg	2340
cgcattaagc gcggcgggtg tgggtggttac gcgcagcgtg accgctacac ttgccagcgc	2400
cctagcgcgc gctcctttcg ctttcttccc ttcctttctc gccacgttcg ccggctttcc	2460
ccgtcaagct ctaaactcggg ggctcccttt agggttccga tttagtgtt tacggcacct	2520
cgaccccaaa aaacttgatt aggggtgatg ttcacgtagt gggccatcgc cctgatagac	2580
ggtttttcgc cctttgacgt tggagtccac gttctttaat agtggactct tgttccaaac	2640
tggaaacaaca ctcaacccta tctcgggtcta ttcttttgat ttataaggga ttttgccgat	2700
ttcggcctat tggttaaaaa atgagctgat ttaacaaaaa tttaacgcga attaattctg	2760
tggaatgtgt gtcagttagg gtgtggaaag tccccaggct cccagcagg cagaagtatg	2820
caaagcatgc atctcaatta gtcagcaacc aggtgtggaa agtccccagg ctccccagca	2880

C62387.ST25.txt

ggcagaagta tgcaaagcat gcatctcaat tagtcagcaa ccatagtccc gccccctaact	2940
ccgcccatacc cgcccctaac tccgcccagt tccgcccatt ctccgccccca tggctgacta	3000
atTTTTTTTta tttatgcaga ggccgaggcc gcctctgcct ctgagctatt ccagaagtag	3060
tgaggaggct tttttggagg cctaggcttt tgcaaaaagc tcccgggagc ttgtatatcc	3120
atTTTtcggat ctgatcaaga gacaggatga ggatcgtttc gcatgattga acaagatgga	3180
ttgcacgcag gttctccggc cgcttgggtg gagaggctat tcggctatga ctgggcacaa	3240
cagacaatcg gctgctctga tgccgccgtg ttccggctgt cagcgcaggg gcgcccggtt	3300
ctTTTTgtca agaccgacct gtccgggtgcc ctgaatgaac tgcaggacga ggcagcgcgg	3360
ctatcgtagc tggccacgac gggcgttcct tgcgtagctg tgctcgacgt tgtcactgaa	3420
gcgggaaggg actggctgct attggggcgaa gtgcccgggc aggatctcct gtcatctcac	3480
cttgctcctg ccgagaaagt atccatcatg gctgatgcaa tgccggcggt gcatacgctt	3540
gatccggcta cctgcccatt cgaccaccaa gcgaaacatc gcatcgagcg agcacgtact	3600
cggatggaag ccggtcttgt cgatcaggat gatctggacg aagagcatca ggggctcgcg	3660
ccagccgaac tgttcgccag gctcaaggcg cgcatgcccg acggcgagga tctcgtcgtg	3720
acccatggcg atgcctgctt gccgaatatc atggtggaaa atggccgctt ttctggattc	3780
atcgactgtg gccggctggg tgtggcgagc cgctatcagg acatagcggt ggctacccgt	3840
gatattgctg aagagcttgg cggcgaatgg gctgaccgct tcctcgtgct ttacgggtatc	3900
gccgctcccg attcgacg cgatcgcttc tatcgcttc ttgacgagtt cttctgagcg	3960
ggactctggg gttcgaaatg accgaccaag cgacgcccac cctgccatca cgagatttcg	4020
attccaccgc cgcttctat gaaagggttg gcttcggaat cgTTTTccgg gacgccggct	4080
ggatgatcct ccagcgcggg gatctcatgc tggagttcct cggccacccc aacttgTTta	4140
ttgcagctta taatggttac aaataaagca atagcatcac aaatttcaca aataaagcat	4200
TTTTTtact gcattctagt tgtggtttgt ccaaactcat caatgtatct tatcatgtct	4260
gtataccgtc gaccttagc tagagcttgg cgtaatcatg gtcatagctg tttcctgtgt	4320
gaaattgtta tccgctcaca attccacaca acatacgagc cggagcata aagtgtaaag	4380
cctgggggtgc ctaatgagt agctaactca cattaattgc gttgcgctca ctgcccgtt	4440
tccagtcggg aaacctgtcg tgccagctgc attaatgaat cggccaacgc gcggggagag	4500
gcggtttgcg tattgggcgc tcttcgctt cctcgctcac tgactcgctg cgctcggtcg	4560
ttcggctgcg gcgagcggtc tcagctcact caaaggcggt aatacggtta tccacagaat	4620
caggggataa cgcaggaaag aacatgtgag caaaaggcca gcaaaaggcc aggaaccgta	4680
aaaaggccgc gttgctggcg TTTTTccata ggctccgccc ccctgacgag catcacaaaa	4740
atcgacgctc aagtcagagg tggcgaaacc cgacaggact ataaagatac caggcgtttc	4800
cccctggaag ctccctcgtg cgctctcctg ttccgaccct gccgcttacc ggatacctgt	4860
ccgcctttct cccttcggga agcgtggcgc tttctcatag ctacgctgt aggtatctca	4920

C62387.ST25.txt

```

gttcggtgta ggtcgttcgc tccaagctgg gctgtgtgca cgaaccccc gttcagcccc 4980
accgctgcgc cttatccggt aactatcgtc ttgagtccaa cccggttaaga cacgacttat 5040
cgccactggc agcagccact ggtaacagga ttagcagagc gaggtatgta ggcggtgcta 5100
cagagtttctt gaagtgggtg cctaactacg gctacactag aagaacagta tttggtatct 5160
gcgctctgct gaagccagtt accttcggaa aaagagttgg tagctcttga tccggcaaac 5220
aaaccaccgc tggtagcggg ggtttttttt tttgcaagca gcagattacg cgagaaaaa 5280
aaggatctca agaagatcct ttgatctttt ctacggggtc tgacgctcag tggaaacgaaa 5340
actcacgtta agggattttg gtcattgagat tatcaaaaag gatcttcacc tagatccttt 5400
taaattaaaa atgaagtttt aaatcaatct aaagtatata tgagtaaact tggcttgaca 5460
gttaccaatg cttaatcagt gaggcaccta tctcagcgat ctgtctatct cgttcatcca 5520
tagttgcctg actccccgtc gtgtagataa ctacgatacg ggaggggcta ccatctggcc 5580
ccagtgcctg aatgataccg cgagaccac gctcaccggc tccagattta tcagcaataa 5640
accagccagc cggaagggcc gagcgcagaa gtggctctgc aactttatcc gcctccatcc 5700
agtctattaa ttgttgccgg gaagctagag taagtagttc gccagttaat agtttgcgca 5760
acgttggtgc cattgctaca ggcacgtgg tgtcacgctc gtcgtttggt atggcttcat 5820
tcagctccgg ttcccaacga tcaaggcgag ttacatgac ccccatgttg tgcaaaaaaag 5880
cggttagctc cttcggctct ccgatcgttg tcagaagtaa gttggccgca gtgttatcac 5940
tcattggttat ggcagcactg cataattctc ttactgtcat gccatccgta agatgctttt 6000
ctgtgactgg tgagtactca accaagtcac tctgagaata gtgtatgcgg cgaccgagtt 6060
gctcttgccc ggcgtcaata cgggataata ccgcgccaca tagcagaact ttaaaagtgc 6120
tcattcattgg aaacgttct tcggggcgaa aactctcaag gatcttaccg ctgttgagat 6180
ccagttcgat gtaaccact cgtgcacca actgatcttc agcatctttt actttcacca 6240
gcgtttctgg gtgagcaaaa acaggaaggc aaaatgccgc aaaaaggga ataaggcgca 6300
cacggaaatg ttgaatactc atactcttcc tttttcaata ttattgaagc atttatcagg 6360
gttattgtct catgagcggg tacatatttg aatgtattta gaaaaataaa caaatagggg 6420
ttccgcgcac atttccccga aaagtgccac ctgacgctc 6458

```

<210> 2

<211> 7464

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Plasmid pMG10A1a7

<400> 2

c62387.ST25.txt

gacggatcgg gagatctccc gatccccctat ggtgcactct cagtacaatc tgctctgatg	60
ccgcatagtt aagccagtat ctgctccctg cttgtgtgtt ggaggctcgt gagtagtgcg	120
cgagcaaaat ttaagctaca acaaggcaag gcttgaccga caattgcatg aagaatctgc	180
ttagggttag gcgtttttgcg ctgcttcgta agctgcaata aacaatcatt attttcattg	240
gatctgtgtg ttggtttttt gtgtgggctt gggggagggg gaggccagaa tgactccaag	300
agctacagga aggcaggta gagacccac tggacaaaca gtggctggac tctgcaccat	360
aacacacaat caacagggga gtgagctgga tcgagctaga gtccgttaca taacttacgg	420
taaatggccc gcctggctga ccgccaacg acccccgcgc attgacgtca ataatgacgt	480
atgttcccat agtaacgcca atagggactt tccattgacg tcaatgggtg gagtatttac	540
ggtaaactgc ccacttgga gtacatcaag tgtatcatat gccaaagtacg ccccctattg	600
acgtcaatga cggtaaattg cccgcctggc attatgcccga gtacatgacc ttatgggact	660
ttcctacttg gcagtacatc tacgtattag tcatcgctat taccatgggtg atgcggtttt	720
ggcagtacat caatgggctg ggatagcggg ttgactcacg gggatttcca agtctccacc	780
ccattgacgt caatgggagt ttgttttggc accaaaatca acgggacttt ccaaaatgtc	840
gtaacaactc cgccccattg acgcaaattg gcggtagggc tgtacgggtg gaggtctata	900
taagcagagc tcgttttagtg aaccgtcaga tcgcctggag acgccatcca cgctgttttg	960
acctccatag aagacaccgg gaccgatcca gcctccgcgg ccgggaacgg tgcattggaa	1020
cgcggtattc ccgtgccaag agtgacgtaa gtaccgccta tagagtctat agggccaccc	1080
ccttggttc ttatgcatgc tatactgttt ttggcttggg gtctatacac ccccgcttcc	1140
tcatgttata ggtgatggtg tagcttagcc tatagggtgtg gggtattgac cattattgac	1200
cactccccta ttggtgacga tactttccat tactaatcca taacatggct ctttgccaca	1260
actctcttta ttggctatat gccaatcac tgccttcag agactgacac ggactctgta	1320
tttttacagg atgggggtctc atttattatt taaaaattca catatacaac accaccgtcc	1380
ccagtggcgc cagtttttat taaacataac gtgggatctc cacgcgaatc tcgggtacgt	1440
gttccggaca tgggctcttc tccggtagcg gcggagcttc tacatccgag ccctgctccc	1500
atgcctccag cgactcatgg tcgctcggca gctccttgct cctaacagtg gaggccagac	1560
ttaggcacag cacgatgccc accaccacca gtgtgccgca caaggccgtg gcggtagggg	1620
atgtgtctga aaatgagctc ggggagcggg cttgcaccgc tgacgcattt ggaagactta	1680
aggcagcggc agaagaagat gcaggcagct gagttgttgt gttctgataa gagtcagagg	1740
taactcccgt tgcgggtgctg ttaacgggtg agggcagtg agtctgagca gtactcgttg	1800
ctgccgcgcg cgccaccaga cataatagct gacagactaa cagactgttc ctttccatgg	1860
gtcttttctg cagtcacccg ggggatcctt cgaacgtagc tctagccacc atgcccattg	1920
ggctctctgca accgctggcc accttgacc tgctggggat gctggctcgt tcctgcctcg	1980
gaaactgggt gaatgtaata agtgatttga aaaaaattga agatcttatt caatctatgc	2040

C62387.ST25.txt

atattgatgc tactttatat acggaaagtg atgttcaccc cagttgcaaa gtaacagcaa	2100
tgaagtgctt tctcttgag ttacaagtta ttccacttga gtccggagat gcaagtattc	2160
atgatacagt agaaaatctg atcatcctag caaacaacag tttgtcttct aatgggaatg	2220
taacagaatc tggatgcaaa gaatgtgagg aactggagga aaaaaatatt aaagaatttt	2280
tggacagttt tgtacatatt gtcgacatgt tcatcaacac ttcggatccc aaatctgctg	2340
acaaaactca cacatgcca ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga ccgtcagtct	2400
tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccct gaggtcacgt	2460
gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg tacgtggacg	2520
gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac agcacgtacc	2580
gtgtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag gagtacaagt	2640
gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc aaagccaaag	2700
ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggatgag ctgaccaaga	2760
accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc gccgtggagt	2820
gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg ctggactccg	2880
acggctcctt cttcctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga	2940
acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg cagaagagcc	3000
tctccctgtc tccgggtaaa tgatctagag ggcccgttta aaccgctga tcagcctcga	3060
ctgtgccttc tagttgccag ccatctgttg tttgcccctc ccccgctgcct tccttgacct	3120
tggaaggtgc cactccact gtcctttcct aataaaatga ggaaattgca tcgcattgtc	3180
tgagtaggtg tcattctatt ctgggggggtg ggggtggggca ggacagcaag ggggaggatt	3240
gggaagacaa tagcaggcat gctggggatg cggtgggctc tatggcttct gaggcggaaa	3300
gaaccagctg gggctctagg gggatatccc acgcgcccctg tagcggcgca ttaagcgcgg	3360
cggtgtgtgt ggttacgcgc agcgtgaccg ctacacttgc cagcgcccta gcgcccgtc	3420
ctttcgcttt cttcccttcc tttctcgcca cgttcgccgg ctttcccgt caagctctaa	3480
atcgggggct ccctttaggg ttccgattta gtgctttacg gcacctcgac cccaaaaaac	3540
ttgattaggg tgatggttca cgtagtggc catcgccctg atagacggtt tttcgccctt	3600
tgacgttgga gtccacgtt tttaatagtg gactcttggt ccaaactgga acaacactca	3660
accctatctc ggtctattct tttgatttat aagggaattt gccgatttcg gcctattggt	3720
taaaaaatga gctgatttaa caaaaattta acgcgaatta attctgtgga atgtgtgtca	3780
gttaggggtg ggaaagtccc caggctcccc agcaggcaga agtatgcaaa gcatgcatct	3840
caattagtca gcaaccaggt gtggaaagtc cccaggctcc ccagcaggca gaagtatgca	3900
aagcatgcat ctcaattagt cagcaaccat agtcccggcc ctaactccgc ccatcccggc	3960
cctaactccg ccagttccg cccattctcc gcccctggc tgactaattt tttttattta	4020
tgcagaggcc gaggccgcct ctgcctctga gctattccag aagtagtgag gaggcctttt	4080

C62387.ST25.txt

tggaggccta ggcttttgca aaaagctccc gggagcttgt atatccattt tcggatctga	4140
tcaagagaca ggatgaggat cgtttcgcat gattgaacaa gatggattgc acgcaggttc	4200
tccggccgct tgggtggaga ggctattcgg ctatgactgg gcacaacaga caatcggctg	4260
ctctgatgcc gccgtgttcc ggctgtcagc gcaggggagc ccggttcttt ttgtcaagac	4320
cgacctgtcc ggtgccctga atgaactgca ggacgaggca gcgcggctat cgtggctggc	4380
cacgacgggc gttccttgcg cagctgtgct cgacgttgct actgaagcgg gaagggactg	4440
gctgctattg ggcgaagtgc cggggcagga tctcctgtca tctcaccttg ctctgcca	4500
gaaagtatcc atcatggctg atgcaatgcg gcggctgcat acgcttgatc cggctacctg	4560
cccattcgac caccaagcga aacatcgcat cgagcgagca cgtactcggg tggagccgg	4620
tcttgtcgat caggatgac tggacgaaga gcatcagggg ctcgcgccag ccgaactgtt	4680
cgccaggctc aaggcgcgca tgcccagcgg cgaggatctc gtcgtgacct atggcgatgc	4740
ctgcttgccg aatatcatgg tggaaaatgg ccgcttttct ggattcatcg actgtggccg	4800
gctgggtgtg gcggaccgct atcaggacat agcgttggct acccgtgata ttgctgaaga	4860
gcttggcggc gaatgggctg accgcttctc cgtgctttac ggtatcgccg ctcccgatcc	4920
gcagcgcac gccttctatc gccttcttga cgagttcttc tgagcgggac tctggggttc	4980
gaaatgaccg accaagcgac gcccaacctg ccatcacgag atttcgattc caccgccgcc	5040
ttctatgaaa ggttgggctt cggaatcggt ttccgggacg ccggctggat gatcctccag	5100
cgcggggac tcattgctgga gttcttcgcc caccacaact tgtttattgc agcttataat	5160
ggttacaaat aaagcaatag catcacaat ttcacaaata aagcattttt ttactgcat	5220
tctagttgtg gtttgtccaa actcatcaat gtatcttata atgtctgtat accgtcgacc	5280
tctagctaga gcttggcgta atcatggtca tagctgtttc ctgtgtgaaa ttgttatccg	5340
ctcacaattc cacacaacat acgagccgga agcataaagt gttaaagcctg gggcgcctaa	5400
tgagtgaagt aactcacatt aattgcgttg cgctcactgc ccgctttcca gtcgggaaac	5460
ctgtcgtgcc agctgcatta atgaatcggc caacgcgcgg ggagaggcgg ttgctgatt	5520
gggcgctctt ccgcttcctc gctcactgac tcgtcgcgt ccggtcgttc gctgcggcga	5580
gcggtatcag ctactcaaa ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca	5640
ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg	5700
ctggcggttt tccataggct ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt	5760
cagaggtggc gaaacccgac aggactataa agataccagg cgtttcccc tggagctcc	5820
ctcgtgcgt ctctgttcc gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct	5880
tcgggaagcg tggcgctttc tcatagctca cgctgtagg atctcagttc ggtgtaggtc	5940
gttcgctcca agctgggctg tgtgcacgaa cccccgttc agcccagccg ctgcgcctta	6000
tccggtaaact atcgtcttga gtccaacctg gtaagacacg acttatcgcc actggcagca	6060
gccactggta acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag	6120

C62387.ST25.txt

tggtggccta actacggcta cactagaaga acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag	6180
ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaac caccgctggt	6240
agcggtggtt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaaagg atctcaagaa	6300
gaccccttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtggg acgaaaactc acgttaaggg	6360
attttgggtca tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tcctttttaa ttaaaaatga	6420
agttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttggt ctgacagtta ccaatgctta	6480
atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt ctatttcgtt catccatagt tgcctgactc	6540
cccgtcgtgt agataactac gatacgggag ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg	6600
ataccgcgag acccacgctc accggctcca gatttatcag caataaacca gccagccgga	6660
agggccgagc gcagaagtgg tcctgcaact ttatccgcct ccattccagtc tattaattgt	6720
tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt	6780
gctacaggca tcgtgggtgc acgctcgtcg tttggtatgg cttcattcag ctccggttcc	6840
caacgatcaa ggcgagttac atgatcccc atgttggtgca aaaaagcggg tagctccttc	6900
ggctcctccga tcgttggtcag aagtaagttg gccgcagtgt tatcactcat ggttatggca	6960
gactgcata attctcttac tgtcatgcca tccgtaagat gcttttctgt gactgggtgag	7020
tactcaacca agtcattctg agaatagtgt atgcggcgac cgagttgctc ttgcccggcg	7080
tcaatacggg ataataccgc gccacatagc agaactttaa aagtgtcat cattggaaaa	7140
cgttcttcgg ggcgaaaact ctcaaggatc ttaccgctgt tgagatccag ttcgatgtaa	7200
cccactcgtg cacccaactg atcttcagca tcttttactt tcaccagcgt ttctgggtga	7260
gcaaaaacag gaaggcaaaa tgccgcaaaa aagggataaa gggcgacacg gaaatgttga	7320
atactcatac tcttcctttt tcaatattat tgaagcattt atcagggtta ttgtctcatg	7380
agcggataca tatttgaatg tatttagaaa aataaacaaa taggggttcc gcgcacattt	7440
ccccgaaaag tgccacctga cgtc	7464

<210> 3

<211> 1113

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> DNA für mutiertes IL-15/Fc mit CD5-Leader

<400> 3

atgcccatgg ggtctctgca accgctggcc accttgatcc tgctggggat gctggctcgt	60
tcctgcctcg gaaactgggt gaatgtaata agtgatttga aaaaaattga agatcttatt	120
caatctatgc atattgatgc tactttatat acggaaagtg atgttcaccc cagttgcaaa	180

C62387.ST25.txt

```

gtaacagcaa tgaagtgctt tctcttggag ttacaagtta tttcacttga gtccggagat 240
gcaagtattc atgatacagt agaaaatctg atcatcctag caaacaacag tttgtcttct 300
aatgggaatg taacagaatc tggatgcaaa gaatgtgagg aactggagga aaaaaatatt 360
aaagaatttt tggacagttt tgtacatatt gtcgacatgt tcatcaacac ttcggatccc 420
aaatctgctg acaaaactca cacatgcccc ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga 480
ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccctt 540
gaggtcacgt gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 600
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 660
agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag 720
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 780
aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggatgag 840
ctgaccaaga accagggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 900
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 960
ctggactccg acggctcctt cttcctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcagggtg 1020
cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1080
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 1113

```

<210> 4

<211> 370

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Aminosäuresequenz des humanen CRB-15 mit Leader CD5

<400> 4

```

Met Pro Met Gly Ser Leu Gln Pro Leu Ala Thr Leu Tyr Leu Leu Gly
1      5      10      15

```

```

Met Leu Val Ala Ser Cys Leu Gly Asn Trp Val Asn Val Ile Ser Asp
20      25      30

```

```

Leu Lys Lys Ile Glu Asp Leu Ile Gln Ser Met His Ile Asp Ala Thr
35      40      45

```

```

Leu Tyr Thr Glu Ser Asp Val His Pro Ser Cys Lys Val Thr Ala Met
50      55      60

```

```

Lys Cys Phe Leu Leu Glu Leu Gln Val Ile Ser Leu Glu Ser Gly Asp
65      70      75      80

```

C62387.ST25.txt

Ala Ser Ile His Asp Thr Val Glu Asn Leu Ile Ile Leu Ala Asn Asn
85 90 95

Ser Leu Ser Ser Asn Gly Asn Val Thr Glu Ser Gly Cys Lys Glu Cys
100 105 110

Glu Glu Leu Glu Glu Lys Asn Ile Lys Glu Phe Leu Asp Ser Phe Val
115 120 125

His Ile Val Asp Met Phe Ile Asn Thr Ser Asp Pro Lys Ser Ala Asp
130 135 140

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly
145 150 155 160

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
165 170 175

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
180 185 190

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
195 200 205

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
210 215 220

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
225 230 235 240

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
245 250 255

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
260 265 270

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
275 280 285

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
290 295 300

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
305 310 315 320

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
325 330 335

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
340 345 350

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
 355 360 365

Gly Lys
 370

<210> 5

<211> 371

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Aminosäuresequenz des murinen IL-15/Fc (humanes mutiertes IL-15,
 muriner IgG2A) mit CD5-Leader

<400> 5

Met Pro Met Gly Ser Leu Gln Pro Leu Ala Thr Leu Tyr Leu Leu Gly
 1 5 10 15

Met Leu Val Ala Ser Cys Leu Gly Asn Trp Val Asn Val Ile Ser Asp
 20 25 30

Leu Lys Lys Ile Glu Asp Leu Ile Gln Ser Met His Ile Asp Ala Thr
 35 40 45

Leu Tyr Thr Glu Ser Asp Val His Pro Ser Cys Lys Val Thr Ala Met
 50 55 60

Lys Cys Phe Leu Leu Glu Leu Gln Val Ile Ser Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80

Ala Ser Ile His Asp Thr Val Glu Asn Leu Ile Ile Leu Ala Asn Asn
 85 90 95

Ser Leu Ser Ser Asn Gly Asn Val Thr Glu Ser Gly Cys Lys Glu Cys
 100 105 110

Glu Glu Leu Glu Glu Lys Asn Ile Lys Glu Phe Leu Asp Ser Phe Val
 115 120 125

His Ile Val Asp Met Phe Ile Asn Thr Ser Asp Pro Arg Gly Pro Thr
 130 135 140

Ile Lys Pro Cys Pro Pro Cys Lys Cys Pro Ala Pro Asn Leu Leu Gly
 145 150 155 160

Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Ile Lys Asp Val Leu Met
 165 170 175

C62387.ST25.txt

Ile Ser Leu Ser Pro Ile Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Glu
180 185 190

Asp Asp Pro Asp Val Gln Ile Ser Trp Phe Val Asn Asn Val Glu Val
195 200 205

His Thr Ala Gln Thr Gln Thr His Arg Glu Asp Tyr Asn Ser Thr Leu
210 215 220

Arg Val Val Ser Ala Leu Pro Ile Gln His Gln Asp Trp Met Ser Gly
225 230 235 240

Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val Asn Asn Lys Asp Leu Pro Ala Pro Ile
245 250 255

Glu Arg Thr Ile Ser Lys Pro Lys Gly Ser Val Arg Ala Pro Gln Val
260 265 270

Tyr Val Leu Pro Pro Pro Glu Glu Glu Met Thr Lys Lys Gln Val Thr
275 280 285

Leu Thr Cys Met Val Thr Asp Phe Met Pro Glu Asp Ile Tyr Val Glu
290 295 300

Trp Thr Asn Asn Gly Lys Thr Glu Leu Asn Tyr Lys Asn Thr Glu Pro
305 310 315 320

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Met Tyr Ser Lys Leu Arg Val
325 330 335

Glu Lys Lys Asn Trp Val Glu Arg Asn Ser Tyr Ser Cys Ser Val Val
340 345 350

His Glu Gly Leu His Asn His His Thr Thr Lys Ser Phe Ser Arg Thr
355 360 365

Pro Gly Lys
370